



UNIVERSIDAD DE CORDOBA

**PROGRAMA DE DOCTORADO
EN RECURSOS NATURALES Y GESTIÓN SOSTENIBLE**

TESIS DOCTORAL

**Caracterización morfométrica y molecular del ganado
de doble propósito en la provincia de Santa Elena
(ECUADOR)**

DOCTORANDO

D. RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO

DIRECTORES DE TESIS

PROF. DR. CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE

PROF. DRA. ANA MARÍA GONZÁLEZ MARTÍNEZ

CÓRDOBA, 2019

TITULO: CARACTERIZACIÓN MORFOMÉTRICA Y MOLECULAR DEL
GANADO DE DOBLE PROPOSITO EN LA PROVINCIA DE SANTA
ELENA (ECUADOR)

AUTOR: *Ronald Roberto Cabezas Congo*

© Edita: UCOPress. 2019
Campus de Rabanales
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A
14071 Córdoba

<https://www.uco.es/ucopress/index.php/es/>
ucopress@uco.es



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

POSTGRADO EN RECURSOS NATURALES Y GESTIÓN SOSTENIBLE

**Caracterización morfométrica y molecular del ganado
de doble propósito en la provincia de Santa Elena
(ECUADOR)**

Tesis presentada por D. RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO
para optar al grado de Doctor por la Universidad de Córdoba
(España)

Vº Bº
Director

Dr. Cecilio José Barba Capote

Vº Bº
Directora

Dra. Ana María González Martínez



D. CECILIO JOSÉ BARBA CAPOTE, PROFESOR CONTRATADO DOCTOR DEL DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN ANIMAL DE LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA.

INFORMA:

Que la tesis Doctoral titulada “Caracterización morfométrica y molecular del ganado de doble propósito en la provincia de Santa Elena (ECUADOR)”, que se recoge en la siguiente memoria y de la que es autor D. RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO, ha sido realizada bajo mi dirección, cumpliendo las condiciones exigidas para que la misma pueda optar al Grado de Doctor por la Universidad de Córdoba.

Lo que suscribo como director de dicho trabajo y a los efectos oportunos, en Córdoba a veinte de febrero de dos mil diecinueve.

Fdo. Dr. Cecilio José Barba Capote



D^a. ANA MARÍA GONZÁLEZ MARTÍNEZ, PROFESORA SUSTITUTA INTERINA DEL DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN ANIMAL DE LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA.

INFORMA:

Que la tesis Doctoral titulada “Caracterización morfométrica y molecular del ganado de doble propósito en la provincia de Santa Elena (ECUADOR)”, que se recoge en la siguiente memoria y de la que es autor D. RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO, ha sido realizada bajo mi dirección, cumpliendo las condiciones exigidas para que la misma pueda optar al Grado de Doctor por la Universidad de Córdoba.

Lo que suscribo como director de dicho trabajo y a los efectos oportunos, en Córdoba a veinte de febrero de dos mil diecinueve.

Fdo. Dra. Ana María González Martínez



TÍTULO DE LA TESIS:

CARACTERIZACIÓN MORFOMÉTRICA Y MOLECULAR DEL GANADO DE DOBLE PROPÓSITO EN LA PROVINCIA DE SANTA ELENA (ECUADOR)

DOCTORANDO: **D. RONALD ROBERTO CABEZAS CONGO**

INFORME RAZONADO DEL/DE LOS DIRECTOR/ES DE LA TESIS

(Se hará mención a la evolución y desarrollo de la tesis, así como a trabajos y publicaciones derivados de la misma).

La realización de la presente investigación ha permitido profundizar en el conocimiento del sistema de producción del ganado bovino en la provincia de Santa Elena, a través del estudio de caracterización morfométrica, morfológica y faneróptica de una muestra representativa de dicha población. Asimismo, se ha llevado a cabo un análisis zoométrico comparativo entre el ganado criollo de Santa Elena y otras tres poblaciones bovinas ecuatorianas de regiones limítrofes. De la misma forma, también se ha realizado la caracterización genética de la población a través del análisis de microsatélites del ADN.

El doctorando ha adquirido habilidades y competencias necesarias para poder abordar la problemática del sector en diferentes vertientes, tanto desde la óptica de la investigación, lo que permitiría la extrapolación de los conocimientos asimilados con la correcta secuencia metodológica para su aplicación al resto de poblaciones bovinas criollas ecuatorianas que actualmente siguen sin ser caracterizadas desde el punto de vista científico, como desde la perspectiva del desarrollo ganadero a la hora de abordar la resolución de problemas organizativos y de gestión relativos a los programas de cría de forma solvente en el ámbito sectorial.

Esta Tesis Doctoral plantea como objetivo estratégico principal el conocimiento del rango de biológico de variación de la base animal como clave de inicio del diseño de un programa de cría que permita la mejora de las producciones en el sistema de doble propósito bajo criterios de sostenibilidad. Se aplica una metodología convencional sobre caracterización exteriorista en una población no descrita científicamente hasta ahora, así como una metodología actual sobre caracterización genética. Asimismo, se valida un panel de marcadores genéticos de tipo microsatélite que pueden utilizarse como herramienta de apoyo en el programa de mejora genética a través de las pruebas de exclusión de paternidad/maternidad y de asignación de individuos a poblaciones.

La presente Tesis Doctoral ha dado lugar a los siguientes trabajos:

Cabezas, R; C. Barba; A. González; O. Cevallos; J.M. León; J.M. Aguilar; A. García. *Estudio biométrico del bovino criollo de Santa Elena (Ecuador).* Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias. En prensa.

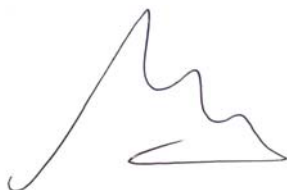
Cabezas, R; O. Cevallos; A. González; A. Cabello; J.M. León; C. Barba. 2017. *Diversidad genética intraracial del ganado bovino criollo de Santa Elena mediante microsatélites. Libro de Memorias del IV Congreso Internacional de Ciencia, Tecnología, Innovación y Emprendimiento. Universidad de Bolívar, Ecuador. Pp 254-255. ISBN: 978-9978-364-38-3*

Cabezas, R; A. González; O. Cevallos; A. Cabello; J.M. León; C. Barba. 2017. *Análisis morfométrico comparativo entre razas bovinas criollas ecuatorianas. Libro de Memorias del IV Congreso Internacional de Ciencia, Tecnología, Innovación y Emprendimiento. Universidad de Bolívar, Ecuador. Pp 250-251. ISBN: 978-9978-364-38-3*

Cabezas, R; A. González; O. Cevallos; A. Cabello; J.M. León; C. Barba. 2018. *Análisis comparativo entre razas bovinas criollas ecuatoriana basado en variables cualitativas. Libro de Memorias de XXVI Reunión de la Asociación Latinoamericana de Producción Animal. Guayaquil, Ecuador.*

Por todo ello, se autoriza la presentación de la tesis doctoral.

Córdoba, a veinte de febrero de dos mil diecinueve.



Fdo.: Cecilio José Barba Capote



Fdo.: Ana María González Martínez

AGRADECIMIENTOS

Deseo dejar constancia de mis sinceros agradecimientos a todas aquellas personas e instituciones que de una u otra manera contribuyeron en el desarrollo de la presente investigación:

A la Universidad Técnica Estatal de Quevedo.

A la Universidad de Córdoba (España)

Al Laboratorio de Genética Molecular Aplicada *Animal Breeding Consulting*, S.L. Córdoba (España)

A los Grupos de Investigación “Mejora y Conservación de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos” (AGR-218) y (AGR-267) del Plan Andaluz de Investigación. Universidad de Córdoba (España).

Al Dr. Eduardo Díaz Ocampo, Rector de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo.

Al Dr. Antón García Martínez, Coordinador del Programa de Maestría y Doctorado de la Universidad de Córdoba (España).

Al Dr. Cecilio Barba Capote, docente de la Universidad de Córdoba. (España) y Director de Tesis Doctoral.

A la Dra. Ana González Martínez, docente de la Universidad de Córdoba y (España) y Directora de Tesis Doctoral

Al Dr. Orly Fernando Cevallos Falquez, docente de la Facultad de Ciencias Pecuarias. UTEQ

A la Dra. Jenny Torres Navarrete, Decana de la Facultad de Ciencias Pecuarias. UTEQ.

Al Dr. Byron Oviedo Bayas, Director de Investigación de la UTEQ.

A los ings Cristobal Villon Bernabé, Byron Guerrero Ortega y el Dr Hugo Ortiz

A mis familiares y amigos, quienes directa o indirectamente me impulsaron a seguir adelante y compartieron mis alegrías y tristezas.

A todos aquellos que de una u otra forma contribuyeron al feliz término de la presente investigación.

A Dios

Por haberme permitido llegar hasta este punto y haberme dado salud para lograr mis objetivos, además de su infinita bondad y amor

A mi madre, Gloria Maria (†)

Por haberme apoyado en todo momento, por sus consejos, sus valores, por la motivación constante que me ha permitido ser una persona de bien, pero más que nada, por su amor

A mi padre, Trietiz Benedicto (†)

Por los ejemplos de perseverancia y constancia que lo caracterizan y que me ha infundado siempre, por el valor mostrado para salir adelante y por su amor.

A mi esposa, Lorena Cardenas, y mis hijas, Romina, Nohelia, Ariana
Valentina y Dennis Magdalena, por su amor, confianza y paciencia

*A mis hermanas: **Mercy y Cecilia** por su inmenso apoyo moral y toda mi familia.*



El desarrollo de la presente Tesis Doctoral se enmarca dentro del Convenio Específico de Cooperación en Postgrado entre:

La Universidad de Córdoba (España) y la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (Ecuador),

Asimismo, el estudio se ha desarrollado dentro del marco de los Proyecto de investigación:

Finalmente, para la colegiatura en el postgrado y la estancia del Doctorando en la Universidad de Córdoba, España, ha disfrutado de beca de colegiatura del Área de Postgrado de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (UTEQ).

Ronald Roberto Cabezas Congo

Ronald Roberto Cabezas Congo

ÍNDICE GENERAL

1. Introducción y justificación	9
1.1. Introducción	9
1.2. Justificación	13
2. Objetivos	17
3. Revisión bibliográfica	19
3.1 Marco histórico	19
3.1.1. Arquetipos de bovinos criollos iberoamericanos	19
3.1.2. El ganado bovino criollo en Ecuador	20
3.1.3. Generalidades del ganado bovino criollo	24
3.2. Marco Geográfico	26
3.2.1. Medio Físico	26
3.2.1.1. Localización	26
3.2.1.2. Clima	28
3.2.1.3. Demografía	29
3.2.1.4. Régimen y territorios comunales	29
3.2.1.5. Aspectos geológicos y geomorfológicos	31
3.2.1.6. El suelo	32
3.2.1.7. Hidrografía	32
3.2.2. Medio biótico	34
3.2.2.1. La vegetación	34
3.2.2.2. La fauna	35
3.2.3. Uso y propiedad de la tierra	36
3.2.4. Características de los sistemas de producción del ganado criollo de Santa Elena	39
3.3. Marco legal e institucional	41
3.3.1. Marco normativo zootécnico en Ecuador	41
3.3.1.1. Organización	42
3.3.1.2. Estructura y funcionamiento del Libro Genealógico	42
3.3.1.3. Valoración de reproductores	47
3.4. Marco conceptual metodológico	49
3.4.1. Concepto de raza	49
3.4.2. Caracterización zoométrica	50
3.4.3. Caracterización morfológica	60

3.4.4.	Caracterización faneróptica	63
3.4.5.	Análisis comparativos entre poblaciones	70
3.4.6.	Caracterización genética	71
3.4.6.1.	Marcadores genéticos	71
3.4.6.2.	Diversidad genética intra-racial	73
3.4.6.2.1.	Número de alelos por locus	73
3.4.6.2.2.	Número efectivo de alelos	75
3.4.6.2.3.	Frecuencias alélicas	75
3.4.6.2.4.	Heterocigosidad	75
3.4.6.2.5.	Contenido de Información Polimórfica	77
3.4.6.2.6.	Equilibrio de Hardy-Weinberg	78
3.4.6.2.7.	Estadísticos F de Wright	79
3.4.6.3.	Diversidad genética inter-racial	84
3.4.6.3.1.	Análisis multidimensionales	84
3.4.6.3.2.	Distancias genéticas	86
3.4.6.3.3.	Arboles filogenéticos o estudios de vecindad	87
3.4.6.3.4.	Estructura genética	92
4.	MATERIAL Y MÉTODOS	95
4.1.	Población y recopilación de información	95
4.2.	Muestra	96
4.2.1.	Procedimiento	96
4.2.2.	Muestreo para las variables de caracterización zoométrica, morfológica y faneróptica	96
4.2.3.	Muestreo para las variables de caracterización genética	98
4.3.	Metodología	101
4.3.1.	Metodología para la obtención de variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas	101
4.3.2.	Metodología para la obtención de datos sobre marcadores genéticos	102
4.3.2.1.	Elección del panel de marcadores	102
4.3.2.2.	Extracción de ADN	105
4.3.2.3.	Amplificación in vitro del ADN mediante PCR, secuenciación y tipificación de las muestras	105
4.4.	Análisis estadísticos	106
4.4.1.	Variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas	106

4.4.2. Microsatélites del ADN	107
4.4.2.1. Diversidad genética intraracial	107
4.4.2.2. Diversidad genética inter-racial. Relaciones con otras razas	107
4.4.2.2.1. Análisis multidimensionales	108
4.4.2.2.2. Distancias genéticas	108
4.4.2.3.3. Estudios de vecindad	108
4.4.2.3.4. Estructura genética	109
5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	111
5.1. Estudio de las variables zoométricas o morfométricas	111
5.1.1. Caracterización del ganado de doble propósito en Santa Elena, según las variables zoométricas	111
5.1.2. Análisis comparativo entre sexos según las variables zoométricas	113
5.1.3. Caracterización del ganado de doble propósito en Santa Elena, según los índices zoométricos	115
5.1.4. Análisis comparativo entre sexos según los índices zoométricos	116
5.1.5. Estudio de la armonicidad del modelo morfoestructural	119
5.1.6. Estudio comparativo entre poblaciones bovinas ecuatorianas	122
5.2. Estudio de los caracteres morfológicos y fanerópticos	128
5.2.1. Caracterización y variación fenotípica para variables fanerópticas	128
5.2.2. Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas de la cabeza	131
5.2.3. Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas del cuerpo	132
5.2.4. Estudio comparativo entre poblaciones bovinas ecuatorianas	134
5.3. Caracterización genética	136
5.3.1. Diversidad genética intra-racial	136
5.3.1.1. Número de alelos y frecuencias alélicas	136
5.3.1.2. Contenido de información polimórfica (PIC) y heterocigosidades observada (H_o) y esperada (H_e)	140
5.3.1.3. Equilibrio Hardy-Weinberg	144

5.3.2.	Diversidad genética inter-racial, relaciones con otras razas	145
5.3.2.1.	Análisis multidimensionales	145
5.3.2.2.	Distancias genéticas	145
5.3.2.3.	Estudios de vecindad	149
5.3.2.4.	Estructura genética	149
5.4.	Consideraciones finales	154
6.	CONCLUSIONES	155
7.	RESUMEN	159
8.	SUMMARY	163
9.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	167
10.	ANEXOS	181

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.- Superficie en hectáreas de los cantones y parroquias de la provincia de Santa Elena.	28
Tabla 2.- Distribución de la superficie agraria en la provincia de Santa Elena por su capacidad de uso y aptitud.	32
Tabla 3.- Uso y distribución de la tierra en Ecuador, según provincia y tipología de cultivo/aprovechamiento, a fecha 31/12/2015.	36
Tabla 4.- Uso del suelo en la provincia de Santa Elena, a fecha 31/12/2015.	37
Tabla 5.- Estructura del marco normativo zootécnico de Ecuador en el caso de la especie bovina.	42
Tabla 6.- Variables zoométricas en razas bovinas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador.	53
Tabla 7.- Variables zoométricas en razas bovinas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador (*). Continuación	54
Tabla 8.- Variables zoométricas en razas bovinas criollas y exóticas explotadas en otros países iberoamericanos	55
Tabla 9.- Variables zoométricas en razas bovinas criollas y exóticas explotadas en otros países iberoamericanos (*). Continuación.	56
Tabla 10.- Variables fanerópticas en razas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador.	67
Tabla 11.- Variables fanerópticas en razas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador. Continuación.	68
Tabla 12.- Variables fanerópticas en razas criollas explotadas en otros países iberoamericanos.	69
Tabla 13.- Variables fanerópticas en razas criollas explotadas en otros países iberoamericanos. Continuación.	69
Tabla 14.- Principales variables de diversidad genética en razas criollas ecuatorianas y autóctonas españolas.	81
Tabla 15.- Principales variables de diversidad genética en razas criollas colombianas.	82
Tabla 16.- Principales variables de diversidad genética en otras razas bovinas criollas iberoamericanas.	83
Tabla 17.- Muestra de bovinos criollos analizada para las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas en la provincia de Santa Elena.	97
Tabla 18.- Muestras de bovinos criollos de Santa Elena analizadas para marcadores genéticos.	99
Tabla 18bis.- Muestras de bovinos criollos de Santa Elena analizadas para marcadores genéticos (continuación)	100
Tabla 19.- Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino.	103

Tabla 19bis.- Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino (continuación).	104
Tabla 20.- Poblaciones bovinas utilizadas en el estudio comparativo: denominación, acrónimo, país de procedencia y número de animales.	110
Tabla 21.- Estadísticos descriptivos y Anova para el factor sexo de las variables zoométricas en el ganado bovino criollo de Santa Elena.	114
Tabla 22.- Estadísticos descriptivos y Anova para el factor sexo de los índices zoométricos del bovino criollo de Santa Elena.	117
Tabla 23.- Matriz de los coeficientes de correlación de Pearson entre las variables estudiadas.	119
Tabla 24.- Análisis de componentes principales en el bovino criollo de Santa Elena a partir de los residuos de las variables zoométricas.	120
Tabla 25.- Contribución de los residuos de las variables al análisis de componentes principales.	121
Tabla 26.- Resumen de las funciones discriminantes canónicas a partir de las muestras de hembras	123
Tabla 27.- Coeficientes canónicos estandarizados para cada variable.	123
Tabla 28.- Valores medios de las variables canónicas y proporción de clasificación observada	124
Tabla 29.- Distancias de Mahalanobis y distancias euclidianas individuales entre hembras de las poblaciones bovinas ecuatorianas analizadas.	125
Tabla 30.- Estadísticos descriptivos de las variables fanerópticas en el ganado bovino de Santa Elena.	130
Tabla 31.- Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas de la cabeza en el ganado bovino de Santa Elena.	131
Tabla 32.- Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas del cuerpo en el ganado bovino de Santa Elena.	133
Tabla 33.- Análisis comparativo para variables cualitativas entre GCSE y Criollo Manabita mediante prueba Chi-cuadrado	134
Tabla 34.- Frecuencias alélicas de 28 microsatélites en el ganado bovino de Santa Elena.	139
Tabla 35.- Microsatélites analizados, número de alelos detectados, Número efectivo de alelos (A_e), Heterocigosidades esperada insesgada (H_e) y observada (H_o), Contenido de Información Polimórfica (PIC), valores de Fis, su intervalo de confianza y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE _d).	143
Tabla 36.- Distancias genéticas D_A (debajo de la diagonal) y de F_{ST} (encima de la diagonal) entre pares de poblaciones.	148
Tabla 37.- Proporción de asignación (Q) de cada población a cada uno de los clusters cuando $K=23$ (K óptimo).	153

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.- Rutas de las primeras incursiones de ganado bovino en América del Sur.	20
Figura 2.- Mapa de Ecuador con resalte de la provincia de Santa Elena	26
Figura 3.- Mapa de la provincia de Santa Elena	27
Figura 4.- Mapa referencial de comunas en la provincia de Santa Elena.	30
Figura 5.- Imagen de almacenamiento de agua no permanente	34
Figura 6.- Tipologías de ecosistemas en la provincia de Santa Elena, según mapas de vegetación.	35
Figura 7.- Detalle de superficie de pastos para aprovechamiento ganadero en la provincia de Santa Elena	38
Figura 8.- Detalle del sistema de explotación bovina extensiva en la provincia de Santa Elena.	40
Figura 9.- Ejemplares de la población de Ganado Criollo de Santa Elena.	40
Figura 10.- Vista lateral en un animal de la muestra estudiada de GCSE, donde pueden observarse algunas de las variables fanerópticas y morfológicas consideradas.	48
Figura 11.- Ejemplo de Análisis Factorial de Correspondencia en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).	85
Figura 12.- Análisis Factorial de Correspondencia entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas. Tomado de Cevallos	89
Figura 13.- Ejemplo de árbol filogenético en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).	90
Figura 14.- Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas D_A entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 poblaciones bovinas analizadas.	91
Figura 15.- Ejemplo de análisis de subestructura genética en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE)	93
Figura 16.- Estructura genética el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas. Tomado de Cevallos (2017)	94

- Figura 17.-** Representación gráfica del análisis discriminante canónico entre hembras de poblaciones bovinas ecuatorianas para las variables zoométricas. 130
- Figura 18.-** Árbol de relaciones entre poblaciones bovinas ecuatorianas basadas en las distancias euclidianas individuales de las variables zoométricas 130
- Figura 19.-** Análisis Factorial de Correspondencia entre el ganado de doble propósito de la provincia de Santa Elena y otras 33 razas bovinas analizadas 147
- Figura 20.-** Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas D_A entre el Ganado Criollo de Santa Elena y otras 33 poblaciones bovinas analizadas. 151
- Figura 21.-** Estructura genética del ganado de doble propósito de la provincia de Santa Elena y otras 33 razas bovinas analizadas. 152

1.- INTRODUCCIÓN Y JUSTIFICACIÓN

1.1. Introducción

Las estadísticas demográficas señalan que la población humana alcanzará los 9.600 millones de habitantes en el mundo para el año 2050, uno de los retos más abrumadores a los que se enfrente nuestra sociedad en la actualidad (GAP, 2013). Esta nueva realidad sociológica impondrá una mayor presión sobre la explotación de los recursos naturales en los años venideros, pues se hará necesario incrementar la producción de alimentos empleando la misma o menor superficie agrícola, al mismo tiempo que se atiendan los nuevos desafíos que ha impuesto la sociedad como son garantizar la inocuidad de los productos alimenticios y la reducción de contaminantes, así como la preservación del bienestar animal. Adicionalmente, se prevé que las posibles consecuencias del cambio climático, como las variaciones en la intensidad y frecuencia de precipitaciones y temperaturas, conlleven efectos importantes en la producción de alimentos, tanto de origen vegetal como animal.

La adaptación de los recursos zoogenéticos a determinadas condiciones agroclimáticas, de manejo y de mercado, es la base para el desarrollo de sistemas de producción sostenibles; particularmente importantes en ambientes adversos con grandes variaciones ambientales a través del año, como lo son la gran mayoría de los sistemas de producción en regiones tropicales o áridas de América Latina y el Caribe. Entre los factores que determinan la adaptación de los animales están la tolerancia al calor, la habilidad para aprovechar forrajes de baja calidad, y el potencial de sobrevivir en presencia de plagas y enfermedades (Bishop S C, 2011).

La degradación ambiental y la pérdida de biodiversidad son dos problemas que repercuten directamente en el bienestar humano. De hecho, es reconocida la relación existente entre pérdida de biodiversidad y pobreza; incluso la FAO reconoce la conservación de los recursos zoogenéticos como pilar de esencial importancia para la seguridad y soberanía alimentaria. Esta biodiversidad puede ser valorada atendiendo a especies o biotipos animales posibles para la utilización sustentable y colección patrimonial, pero es importante significar que, son considerados intangibles y que requieren esfuerzos adicionales por considerarse en situación vulnerable o en peligro de extinción (Hick, 2016).

Se considera que cerca del 20% de las razas de animales de granja se encuentran en peligro de extinción, con una tasa de desaparición promedio de una raza al mes, de las 7.739 poblaciones registradas en la base de datos de la FAO, 591 se han extinguido en los últimos 15 años y otras 1 500 se consideran al borde de la extinción. Unas 60 razas de vacas, cabras, cerdos, caballos y aves de corral se han perdido en los últimos cinco años, siendo “la globalización de la industria ganadera, la mayor amenaza para la diversidad genética”. Por otra parte, el 48 por ciento de los países del mundo no tienen programas de conservación *in vivo*, y el 63 por ciento programas *in vitro* (conservación de embriones, semen u otro material genético) para poder reproducir los animales vivos en fecha posterior (FAO, 2018).

La importancia de la conservación del ganado bovino criollo radica en que constituye un recurso genético generado en el ecosistema sudamericano y en su capacidad de adaptación a lugares de condiciones extremas, con forrajes pobres y con temperaturas y humedad donde la ganadería con las razas foráneas sería insostenible. El ganado bovino criollo constituye una base importante en el desarrollo de programas de cruzamientos ya que ofrece la capacidad de aportar sus cualidades y rusticidad, contribuyendo a forjar una ganadería sustentable en lugares de condiciones hostiles (Delgado, 2000). Dentro de este contexto, el conjunto de las razas bovinas criollas constituye un recurso de gran valor para las comunidades campesinas ya que, además de representar una fuente importante de alimentos y de ingresos económicos familiares, se erige como una alternativa para el desarrollo de las poblaciones de pequeños y medianos ganaderos, sin olvidar el valor socio-cultural e histórico que este ganado atesora (Delgado, 2000).

Ecuador es uno de los países con mayor índice de biodiversidad, aunque escasamente estudiada en el caso de los animales domésticos. Estos recursos resultan esenciales para garantizar la seguridad y la soberanía alimentaria de la población (MAE, 2017). No obstante, los últimos informes nacionales sobre el estado de la biodiversidad (MAE, 2015) y de la agrobiodiversidad (INIFAP, 2015) son recurrentes en mencionar a la deforestación, el cambio de uso de la tierra, la contaminación y la introducción de especies exóticas, como los principales factores que ponen en riesgo a la agrobiodiversidad. La incorporación de razas ganaderas foráneas es la principal causa que afecta a la conservación de los recursos genéticos animales de interés agroalimentario.

El Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS) recoge la existencia de 12 especies de interés agroalimentario en Ecuador, cuatro de ellas andinas: alpaca (1), cuy (1), llama (1), vicuña (1); otra de tipo precolombino: pavo (1); y el resto de origen foráneo: búfalo (1), bovino (37), caprino (5), ovino (8), porcino (5) y aviar (gallina (8) y

pato (1). El ganado bovino es la especie más importante en el contexto agropecuario ecuatoriano (FAO, 2018), donde se pueden encontrar doce poblaciones bovinas de tipo europeo (*Bos taurus*): Angus Negro, Angus Rojo; Ayrshire, Brown Swiss, Charolesa, Hereford, Holstein, Jersey, Montbeliarde, Normando, Rojo Sueco y Simmental; otras cuatro poblaciones de tipo asiático (*Bos indicus*): Braham Gris, Brahman Rojo, Gir y Nelore; y trece poblaciones más de tipo criollo: Bravo de Páramo, Chusco, Criollo de la Amazonia, Criollo de la Costa, Criollo de la Península, Criollo de la Sierra, Criollo ecuatoriano, Esmeraldeño, Galapagueño, Jaspeado Manabita, Macabeo, Moro y Zarumeño; finalizando con una última tipología donde se agrupan las poblaciones sintéticas (Brangus, Charbray, Girolando, Pizán, Sahiwal, Santa Gertrudis y Senepol) así como una importante proporción de animales mestizos con distintos grados de cruzamiento.

En estudios realizados sobre razas criollas en Latinoamérica, se informa que los principales problemas reportados por los productores y asesores técnicos sobre el uso de dichas razas se fundamentan en la inexistencia de información sobre estas razas y la ausencia de estudios de caracterización y comportamiento productivo de estos animales (Villalobos et al, 2012). Este es el caso de la población de ganado bovino criollo de la Península de Santa Elena (GCSE), que constituye la actividad pecuaria más importante de la provincia y es desarrollada por medianos productores, tanto en número de productores como en cabezas de ganado, estando orientada principalmente a sistemas de doble propósito.

1.2. Justificación

El Plan Nacional de Desarrollo para el periodo 2017-2021: *“Toda una Vida”* se organiza en tres ejes programáticos y nueve objetivos nacionales de desarrollo sobre la base de la sustentabilidad ambiental y el desarrollo territorial (PND, 2018). El primer eje del Plan *“Derechos para todos durante toda la vida”*, establece la protección de las personas más vulnerables, afirma la plurinacionalidad e interculturalidad, plantea el combate a la pobreza en todas sus dimensiones y todo tipo de discriminación y violencia, así como garantiza los derechos de la naturaleza. El segundo eje *“Economía al servicio de la sociedad”*, plantea consolidar el sistema económico social y solidario, ampliar la productividad y competitividad, generar empleo digno, defender la dolarización, y redistribuir equitativamente la riqueza; además de tratar de garantizar la soberanía alimentaria y el desarrollo rural integral. Finalmente, el tercer eje *“Más sociedad, mejor Estado”*, promueve la participación ciudadana y la construcción de una nueva ética social basada en la transparencia y la solidaridad, un Estado cercano con servicios de calidad y calidez, abierto al diálogo social permanente, así como la soberanía y la paz, posicionando estratégicamente a Ecuador en el mundo.

Asimismo, Ecuador, en términos productivos, se divide en cuatro espacios claramente diferenciados en función de los índices de producción primaria, secundaria y terciaria. En primer lugar, un *“Área de desarrollo industrial en crecimiento con servicios terciarios especializados”* que se encuentra marcada por la bicefalia histórica entre las mayores ciudades del país –Quito y Guayaquil–, las cuales marcan el desarrollo en industria, manufactura y servicios especializados. La segunda categoría se denomina *“Área de desarrollo primario consolidado con enclaves industriales básicos y/o turísticos”*, la cual se caracteriza por tener un nivel de diversificación primaria productiva elevada y consolidada, lo cual permite incursionar en niveles básicos de industrialización, manufactura y/o turismo, dadas las facilidades logísticas y estructurales que ostenta, siendo el caso del espacio comprendido

entre las tres principales ciudades del país: Quito, Guayaquil y Cuenca. En tercer lugar, se encuentra el “Área de bajo desarrollo primario de mayor diversificación con puntales productivos”. Se trata de la mayor superficie del territorio nacional con primaria de los cultivos de cacao, maíz y palma africana, entre otros, dentro del sector primario. Y, finalmente, como cuarta categoría el “Área de bajo desarrollo primario poco diversificado”, caracterizada por un débil impulso económico en los tres sectores, siendo el caso de la provincia de Santa Elena dadas las condiciones topográficas existentes en el norte de esta provincia (cordillera de Chongón Colonche) así como por la considerable cantidad de comunidades con sus orientaciones particulares de producción.

Por su parte, desde el punto de vista zootécnico, los bovinos criollos de Ecuador constituyen un subsector productivo que no ha sido debidamente estudiado hasta ahora, a excepción de algunos trabajos de investigación realizados recientemente, entre los que destaca la caracterización y descripción del ganado criollo de Manabí (Cevallos et al, 2016). Además, los censos de estas razas locales continúan disminuyendo paulatinamente con carácter general, puesto que, por haber sido desplazadas por razas comerciales de sus hábitats naturales, sólo se conservan en unos pocos lugares precisamente por sus capacidades que les permiten desarrollarse en lugares donde otras razas no lograrían hacerlo, donde demuestran una elevada rusticidad al vivir en zonas de altas temperaturas y mostrándose resistentes a muchas enfermedades (Aguilar et al., 2013).

FAO (2012) considera prioritario abordar estudios de caracterización racial como primera fase en la implantación de un programa de desarrollo ganadero que permita la sustentabilidad de los sistemas tradicionales de producción ligados a una correcta gestión territorial. En este sentido, FAO (2007) aborda la caracterización de los recursos zoogenéticos (AnGR) abarcando todas las actividades asociadas con la identificación, la descripción cuantitativa y cualitativa de las poblaciones de razas y el hábitat natural y los sistemas de producción a los que están o no adaptados.

Por todo lo anterior, el presente trabajo de investigación se plantea bajo los requerimientos sociales existentes en Ecuador y los ejes fundamentales implantados en el Plan Nacional de desarrollo 2017-2021: *“Toda una Vida”*. Asimismo, se evidencia dentro de los ejes estratégicos de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo (Ecuador), con el objetivo de reactivar la productividad y la generación de empleo digno como prioridades de las políticas de desarrollo rural en las comunidades campesinas.

La relevancia de esta investigación se enfoca en el estudio de los recursos zoogenéticos, donde la caracterización propuesta en el ámbito del ganado criollo de Santa Elena puede representar una alternativa productiva que contribuya al desarrollo ganadero de la región desde una perspectiva local, así como puede servir para consolidar un modelo para la caracterización, conservación y estructuración de otras muchas poblaciones ganaderas ecuatorianas y, a nivel general, podría constituir la base de un reservorio de diversidad genética para Iberoamérica en general y, para Ecuador en particular.

2. OBJETIVOS

Objetivo general

- Caracterización morfométrica y genética del ganado de doble propósito en la provincia de Santa Elena (Ecuador)

Objetivos específicos

- Análisis del rango biológico de variación de los caracteres morfométricos, morfológicos y fanerópticos del ganado de doble propósito de Santa Elena.
- Determinación del nivel de dimorfismo sexual existente en la población.
- Estudio biométrico comparativo entre el ganado de doble propósito de Santa Elena y otras poblaciones bovinas ecuatorianas.
- Caracterización genética basada en los microsatélites del ADN.
- Estimación de la diversidad genética intraracial del ganado de doble propósito de la provincia de Santa Elena y su relación con otras razas de su contexto.

3.- REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

3.1. MARCO HISTÓRICO

3.1.1. Arquetipos de bovinos criollos iberoamericanos.

Según la FAO (2013), son tres los arquetipos de bovinos criollos desarrollados en el continente americano: elipométrico, eumétrico e hipermétrico. En primer lugar, el Tipo Elipométrico, es decir, el de pequeño formato corporal, se asocia a ecosistemas de climas templados, implantado especialmente en las grandes llanuras; mientras que el Tipo Eumétrico, o formato medio de la especie, resulta más propio de las áreas andinas, incluyendo las montañas altas de Bolivia, Ecuador y Perú. Finalmente, el Tipo Hipermétrico, de gran formato corporal, es el más adaptado a las condiciones tropicales, encontrándose especialmente en los Chacos en Argentina, Bolivia y Paraguay, así como en Selva Peruana y en la Amazonia.

No obstante lo anterior, la influencia de determinadas poblaciones que han sido introducidas en el continente americano en los dos últimos siglos modificaron las dinámicas de cría de aquellas poblaciones bovinas conformadas a partir de los primeros animales llegados desde la Península Ibérica.

3.1.2.- El ganado bovino criollo en Ecuador

Históricamente, la expansión del ganado bovino español a los países conocidos hoy día como Colombia, Ecuador y Perú (Figura 1) estuvo marcada por dos corrientes de entrada en la parte norte de América del Sur, según Aguilar et al. (2013). En Ecuador, la introducción de los primeros animales tuvo lugar en 1532, poblando inicialmente la sierra ecuatoriana, los cuales probablemente provenían de los grupos de animales que ingresaron por Las Antillas, cubriendo Venezuela, Colombia y en último lugar la sierra del Ecuador. Por otra parte, la segunda vía de entrada de animales procedía de Panamá y que seguramente se extendieron por la costa del Ecuador, llegados por barco (Aguilar et al, 2013)



Figura 1. Rutas de las primeras incursiones de ganado bovino en América del Sur. (Imagen extraída del documento Genética de la conservación de razas autóctonas, Bouzat, J. et al. (1998) donde se puede visualizar las corrientes colonizadoras).

Atendiendo a la revisión de Cevallos (2017), *el ganado criollo ecuatoriano ha sido el resultado de varios cientos de años de selección natural sobre un abanico de poblaciones locales asentadas en diferentes regiones del país que contaban con un importante tamaño efectivo de la población fundadora. No obstante, hay que tener en cuenta que, a partir de las primeras décadas del siglo XX, en que se inició la introducción de bovinos extranjeros para la producción de carne y de leche (Barsky y Cosse, 1981). En ese sentido, del durante mucho tiempo se pensó que las razas exóticas eran la mejor alternativa para la implementación de programas de desarrollo ganadero al atribuir los resultados obtenidos inicialmente a las aptitudes productivas de las razas introducidas y no al vigor híbrido que produce el mestizaje. Sin embargo, con el transcurso del tiempo y los cruzamientos desordenados se han producido procesos de absorción de la base animal criolla y el número de estas poblaciones disminuyó drásticamente (SICA, 2001).*

La base de datos de la FAO sobre poblaciones animales (DADIS) refleja la existencia de 37 poblaciones bovinas en Ecuador (DADIS, 2018), de las cuales sólo 10 son razas locales o criollas, dos de ellas (Criollo de la Costa y Criollo de la Sierra) que se encuentran en una situación de no riesgo desde el punto de vista de la conservación, mientras que las ocho poblaciones restantes están catalogadas en situación “desconocida”: Bravo de Páramo, Criollo de la Amazonía, Criollo de la península de Santa Elena, Criollo ecuatoriano, Esmeraldeño, Galapaqueño, Jaspeado manabita, Macabea, Moro, Pizán y Zarumeño, reservándonos la duda que el ganado Pizán podría considerarse como de tipo sintético.

A continuación, se expone una pequeña semblanza de las principales características de dichas poblaciones criollas que figuran en www.fao.org/dad-is (FAO, 2018) y diversas fuentes:

Bravo del Páramo: Bovino adaptado a las alturas y los páramos ecuatorianos. Se encuentra en las provincias de Carchi, Imbabura,

Pichincha, Cotopaxi, Tungurahua y Chimborazo. No se dispone de datos descriptivos específicos de la raza en DAD-IS.

Criollo de la Sierra: Raza adaptada a condiciones de gran altura, por encima de los 3500 msnm. Otras denominaciones: criollo de las sierras o serrano. Los únicos datos descriptivos que figuran en DAD-IS son el peso vivo de 400 y 500 kg para hembras y machos, respectivamente; peso al nacimiento de 25 y 30 kg y producción de leche de 240 kg por lactación con 5% de grasa y una duración de 120 días.

Criollo de la península de Santa Elena: Otras denominaciones: criollo de la península. No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Criollo ecuatoriano: No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Esmeraldeño: Biotipo ubicado en la provincia del Carchi, en la Sierra ecuatoriana. No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Galapagueño: Población bovina de origen ibérico, exclusiva y perfectamente adaptada a las condiciones de las Islas Galápagos. La población podría oscilar entre 5.000 y 10.000 cabezas y se encuentra en régimen feral, concretamente en las zonas más áridas de las islas Isabela, San Cristóbal, Santa María y Santa Cruz. Desde el punto de vista descriptivo, según Samandaroff (citado por Cevallos, 2107), los machos presentan cabeza larga, grande, frente ancha, ojos grandes y vivos, cuernos bien plantados, fuertes y dirigidos hacia los lados, pecho bien formado y musculoso, tronco profundo y amplio, anca bien formada, corta y ligeramente inclinada, cola bien puesta con abundante mechón, la alzada a la cruz es de 120-140 centímetros según la edad y el individuo; todo lo cual les da un aspecto majestuoso y elegante, parecido al ganado de lidia. Por su parte, las hembras tienen cabeza fina y graciosa, cuernos bien plantados y dirigidos lateralmente, cuello delgado

y bien proporcionado, tronco profundo y bien desarrollado, cola bien larga y con abundante mechón, ubres bien desarrolladas, esponjosas y bien irrigadas.

Jaspeado Manabita: Este ganado es conocido como con la denominación de manzanillo, cachudo o cholo por los pobladores de la provincia de Manabí, especialmente en los cantones de Montecristi, Rocafuerte, Puerto López, Portoviejo y Sucre. Estos animales son de aspecto musculoso los machos, las hembras bastante femeninas de manto suave y terso con pelo fino y corto, el color del manto es amarillo (bayo) en diferentes tonalidades con blanco, por lo que se le conoce como manzanillo castaño u oscuro, se pueden encontrar animales con manchas blancas en el vientre y extremidades oscuras hasta más arriba de los corvejones y rodilla, con cabeza y mucosas oscuras, hocico, morro, orejas, cascos, borla de cola y extremo del escroto pigmentado o negro. La lengua y los cuernos pueden no ser pigmentados. La cabeza bien proporcionada, primigénica de tamaño mediano y fina, con cuernos largos en forma de lira, media luna o corona, que pueden o no ser pigmentados. Perfil recto, cara magra y expresiva, frente ancha y recta, ojos vivos con arrugas alrededor de las órbitas, morro puede o no ser pigmentado. Cuello fuerte y de longitud mediana (delgado).

Macabea: Raza criolla de origen ibérico cuya singularidad radica en su hábitat, ya que es la única raza local Iberoamericana que se formó y se mantiene en la región amazónica ecuatoriana, encontrándose totalmente integrada y adaptada al trópico húmedo desde el punto de vista ecológico y también sociológico, ya que forma parte de las comunidades aborígenes de la región (Vargas et al., 2015). Animales de formato corporal pequeño que guarda un claro paralelismo con el grupo de razas criollas iberoamericanas.

Moro: Biotipo ubicado en la provincia del Carchi, en la Sierra ecuatoriana. No se dispone de datos descriptivos específicos en DAD-IS.

Zarumeño: Raza de origen ibérico de capa blanca o encerada cuya tendencia a la capa blanca podría explicarse como ventaja competitiva frente a los constantes azotes de la mosca *Dermatobia hominis* o Nuche. Esta población se desarrolló en zonas cercanas a la villa real de Zaruma, como Miranda y El Bosque, sitios ideales para la producción de leche. No es una raza armónica, con tendencia al tamaño excesivo de la cabeza, dorso ensillado, anca caída, inserción alta de la cola, poca anchura del riñón, estrechez de isquiones, falta de refinamiento, poca capacidad abdominal y ubres defectuosas, siendo algunos "defectos" compensatorios, como la mayoría de razas criollas ibéricas, la inserción alta de la cola, aumenta el diámetro vertical y por tanto la capacidad de la pelvis, lo cual representa facilidades en el momento del parto; mientras que el anca caída y el lomo ensillado lo habilitaban para las grandes caminatas por terrenos abruptos y escarpados existentes en la zona. Por otra parte, son animales muy fértiles y longevos, de gran mansedumbre y con destacadas habilidades maternas.

3.1.3. Generalidades del ganado criollo bovino

Según De Alba (1987), el bovino criollo es el resultado del proceso selectivo soportado durante cinco siglos por la descendencia del ganado llegado al continente americano procedente de la península Ibérica, bajo la presión de la selección natural, originando una población que se caracteriza por su adaptación y calidad biológica de estos animales a las zonas climáticas. Por su parte, Primo (1992) manifiesta que el ganado criollo es valioso por su rusticidad, por lo que puede ser utilizado como animal de triple propósito: leche, carne, trabajo. Desde esta perspectiva, sus índices productivos son aceptables bajo las condiciones adversas de crianza con pastos pobres y sequías.

Este ganado es de tamaño mediano, alcanzando las hembras un peso vivo entre 400 y 440 kg, siendo su conformación angulosa, semejante a los

tipos lecheros. La inserción alta y adelantada de su cola le facilita el parto, por lo cual los casos de distocia son muy raros. La longevidad y fertilidad de la vaca Criolla hace que no sean raros los casos de vientres que a los 13 ó 15 años estén pariendo su décimo segundo ternero. Por su parte, el toro tiene una conformación más carnicera y es de mayor tamaño, oscilando su peso entre 600 y 800 kg, lo que confirma la existencia de un claro dimorfismo sexual (De Alba, 2011).

El ganado criollo tiene gran importancia por ser pie de cría o la población base de los sistemas de producción de gran parte de los países iberoamericanos, debiendo promover programas de desarrollo y mejora ganadera de forma compatible con la conservación de las características de adaptación a dichos ecosistemas (De Alba, 2011).

3.2. MARCO GEOGRÁFICO

3.2.1.- Medio físico

3.2.1.1.- Localización

La provincia de Santa Elena cuenta con una superficie en torno a 3.690 km², correspondiendo su ubicación geográfica con las coordenadas 02° 23' 33" de latitud Sur y 80° 85'00" de longitud Oeste, presentado una altura máxima de 800 m.s.n.m. Asimismo, Santa Elena limita al norte con la provincia de Manabí, al este y sur con la provincia de Las Guayas y, por el oeste con el Océano Atlántico. Por otra parte, está compuesta por 3 cantones y 9 parroquias rurales, destacando el cantón de Santa Elena, con el 97% del territorio provincial y 7 parroquias, siendo uno de los cantones más extensos del país; seguido a muy larga distancia del cantón Salinas (2% del territorio y 2 parroquias) y, en último lugar, el cantón La Libertad (1% de superficie, sin parroquias).



Figura 2. Mapa de Ecuador con resalte de la provincia de Santa Elena.

A wide-angle photograph of a dry, open field with several cattle. In the foreground, a large brown cow stands facing left, with a smaller brown cow and a black cow nearby. To the right, a brown cow is drinking from a concrete water trough, with a black cow partially visible next to it. The background features a line of green trees under a cloudy sky.

Tabla 1. Superficie en hectáreas de los cantones y parroquias de la provincia de Santa Elena

Cantón	Parroquia	Superficie (has)	%
Santa Elena	Ancón	6.594	2%
	Atahualpa	7.709	2%
	Chanduy	76.902	21%
	Colonche	114.933	31%
	Manglaralto	42.600	12%
	Santa Elena	53.635	15%
	Simón Bolívar	57.258	16%
	Subtotal	359.630	97%
La Libertad	La Libertad	2.498	1%
	Subtotal	2.498	1%
Salinas	Anconcito	879	0,2%
	Jose Luis Tamayo (Muey)	3.388	1%
	Salinas	2.550	1%
	Subtotal	6.817	2%

3.2.1.2.- El clima

El clima de la provincia de Santa Elena es de tipo Tropical Seco debido a un ramo de la corriente de Humboldt, las corrientes cálidas de El Niño y el desplazamiento de la zona de convergencia intertropical que pasan por la península. Su promedio anual de precipitación es entre 125 a 150 mm, siendo uno de los territorios más secos de Ecuador. Existen dos temporadas claramente diferenciadas: la seca y la lluviosa. La primera de ellas comprende los meses de junio a noviembre y la lluviosa de diciembre a mayo, aunque en la actualidad las lluvias se han retrasado hasta febrero. Durante la temporada lluviosa, la precipitación que se registra es casi el 90% de toda la pluviometría total anual. Por su parte, el rango de temperaturas oscila entre los 21 y 40° C (Rodríguez, 2014).

En cualquier caso, cabe mencionar la existencia de “*garúas*” en la provincia de Santa Elena, que no es otra cosa que la combinación de nubes, neblinas y lloviznas producidas por la corriente de Humboldt. En la parte noroccidental se detectan durante más de la mitad del año, desapareciendo durante las épocas lluviosas debido a la influencia de la corriente de El Niño que fluyen hacia el sur. Las “*garúas*” suponen un aporte de humedad para la vegetación.

3.2.1.3 Demografía

Según el Censo de Población y Vivienda 2010 (CPV) realizado por el Instituto Nacional de Estadísticas y Censos (INEC, 2018), la provincia de Santa Elena tiene 308.693 habitantes, de los cuales el 55% se encuentra en el área urbana, en las cabeceras cantonales. La relación de población femenina y masculina en la provincia es bastante equilibrada, siendo la población masculina ligeramente mayor con el 50,8% de la población total, y la población femenina con el 49,2% (INEC, 2018). Se puede notar de igual manera, en el mismo cuadro, que el mayor porcentaje de población es joven, siendo el estrato de 5 a 20 años el de mayor número.

3.2.1.4 Régimen y territorios comunales

La provincia de Santa Elena fue oficialmente reconocida en el año 2007, convirtiéndose en la más joven de las 24 provincias del territorio ecuatoriano. Actualmente, existen 69 comunas constituidas legalmente en esta provincia. Las comunas son la prolongación histórica de la sociedad Manteño-Huancavilca desde la era colonial. Se trata de una unidad socio-política muy identificada con un territorio particular (Espinell y Herrera, 2008). Álvarez (1991) menciona que la base fundamental de referencia de la Comuna la constituye la posesión de un territorio desde tiempos inmemoriales por parte de las familias

que se reconocen como descendientes de los “antiguos”, y que hasta hoy día lo habitan generación tras generación. Durante la colonización española, los territorios que habitaban los nativos en la Península de Santa Elena se convirtieron en tierras llamadas reducciones de indios o resguardos, otorgados por la corona, lo cual implicaba, que estos grupos indígenas tenían bajo su posesión una legua a la redonda o en cuadro del sitio donde habitaban y en donde podían hacer uso de sus recursos naturales

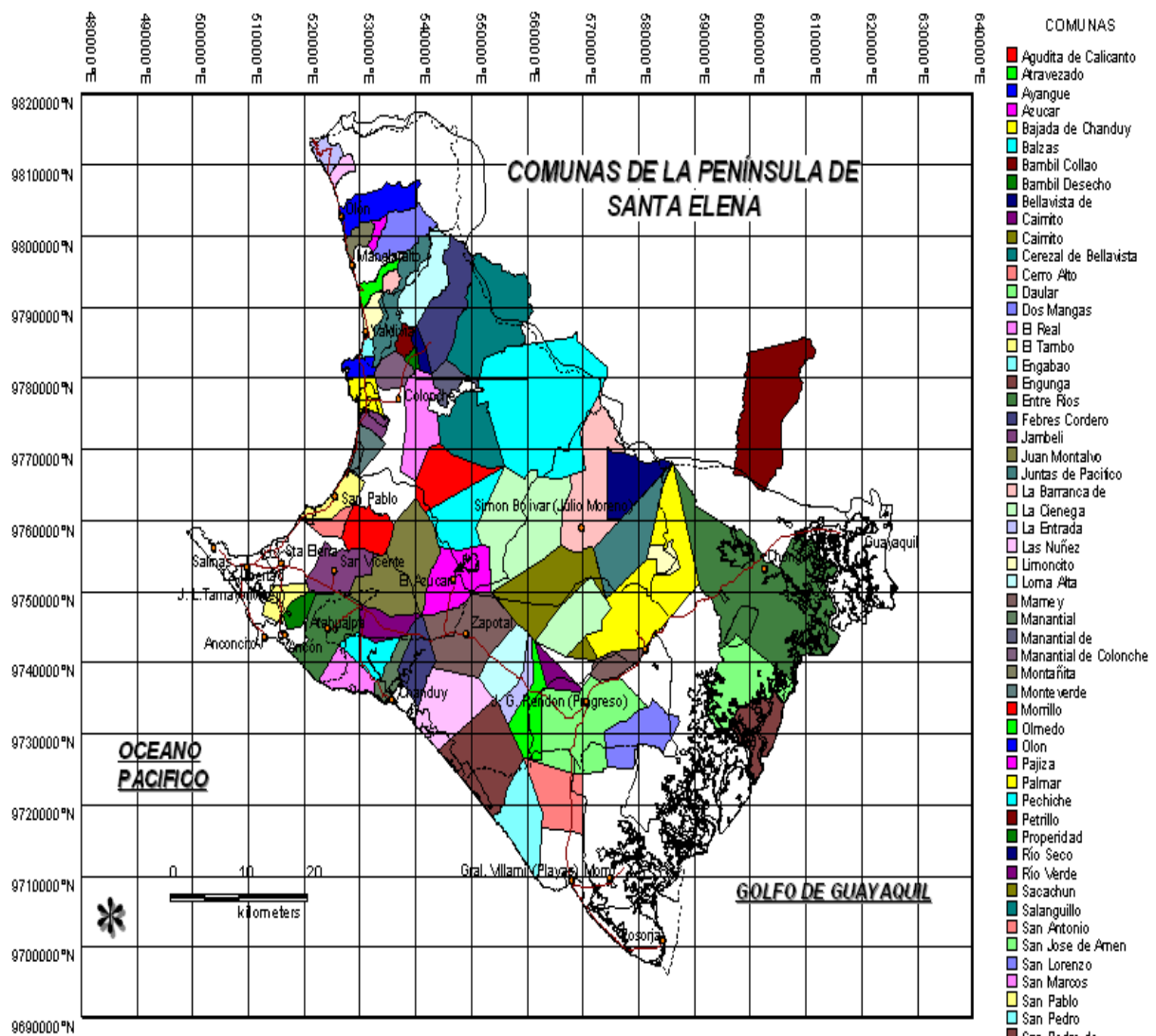


Figura 4. Mapa referencial de comunas en la provincia de Santa Elena

3.2.1.5.- Aspectos geológicos y geomorfológicos

Producto de la intensa actividad de placas tectónicas ocurrida en la región durante los diferentes períodos geológicos, el territorio ha sufrido una importante afectación, la mayoría de rocas de las diferentes formaciones se encuentran falladas y con alto grado de diaclasamiento, dependiendo básicamente de la composición litológica de las mismas (Rodríguez, 2014).

Las observaciones sobre el terreno y los estudios del suelo demuestran que la costa ecuatoriana está formada por dos regiones separadas por la cordillera de Chongón-Colonche. La cordillera de Chongón-Colonche, la cuenca Progreso y la península de Santa Elena son las unidades estructurales de la parte correspondiente a la región sur del litoral ecuatoriano. La península de Santa Elena, o más bien la plataforma continental de Santa Elena, se la considera como una estructura alta durante el desarrollo de la cuenca del progreso. Mapas de perforación y de superficie revelan que el área esta complicada estructuralmente por fallas en direcciones NS, NW-SE y NE-SW.

La cuenca Progreso se encuentra al este de la plataforma continental de Santa Elena y está separada de ésta por un complejo de fallas conocido como sistema de fallas La Cruz con dirección predominante NW-SE. Está limitada hacia el N y NE por la cordillera de Chongón-Colonche y hacia el S-SW por el sistema de fallas La Cruz. Las estructuras dentro de la cuenca del progreso son generalmente paralelas a dicho eje NW-SE y están comúnmente asociadas con fallas. Las Formaciones del periodo Eoceno-Oligoceno presentan una disposición caótica debido seguramente a la condición subsidente de la cuenca Progreso (Rodríguez, 2014).

La cordillera de Chongón-Colonche, que ha sido una estructura positiva desde el paleoceno, tiene vinculación directa con la orogenia neoandínica. La altura de esta cordillera ha sido fuente importante para el grupo Ancón primero y, posteriormente, para las formaciones de la cuenca Progreso y una fuente mayor para el Grupo Azúcar.

3.2.1.6.- El suelo

Como se puede observar en la Tabla 2, la provincia de Santa Elena tiene el 45% de la superficie apta para actividades agrícolas. El 23% de la superficie tiene aptitud para actividades pecuarias acompañadas de bosques y el 23% restante, tiene aptitud para la conservación.

Tabla 2. Distribución de la superficie agraria en la provincia de Santa Elena por su capacidad de uso y aptitud.

Capacidad del uso de la tierra	Definición	Aptitud	Superficie (has)	%
II	Tierras con algunas limitaciones	Agrícola	9.038,20	3%
III	Tierras con severas limitaciones	Agrícola	64.211,00	22%
IV	Tierras con muy severas limitaciones	Agrícola	87.665,70	30%
V	Tierras de uso limitado o no adecuados para cultivos	Pecuario, forestal, conservación	55.017,50	19%
VI	Tierras para pastos o bosques	Pecuario, forestal, conservación	10.699,50	4%
VII	Tierras con limitación ligera para pastos y bosques	Forestal, conservación	36.182,40	12%
VIII	Tierras con limitación severa para pastos y bosques	Conservación	32.710,10	11%
	Tierras misceláneas		815,4	0,30%
Total			296.339,80	100%

3.2.1.7.- Hidrografía

La provincia de Santa Elena está conformada por 44 unidades hidrográficas, de las cuales 32 corresponden a cuencas y 12 a sub-cuencas. Como se observa en la Figura 5, de estas 44 unidades, 36 tienen menos de

10.000 hectáreas y 6 entre 11.000 y 25.000 hectáreas. Las dos unidades restantes representan las cuencas más grandes de la provincia y corresponden a las cuencas de los ríos Javita y Zapotal, con 80.590 y 102.412 hectáreas respectivamente. Refiriéndonos a estas dos últimas, es importante decir que son las únicas cuencas que reciben agua del trasvase Chongón – Santa Elena. La cuenca del río Zapotal es la única que ha recibido el recurso hídrico por medio de un único canal que abastece al embalse El Azúcar que se encuentra aguas abajo del río Grande de Sube y Baja, y cuya agua está destinada para riego, pero principalmente para agua de consumo humano urbano de la provincia. La cuenca del río Javita, aún no se encuentra conectada al trasvase, sin embargo, el proyecto Trasvase Chongón- San Vicente estará listo a finales de este año según SENAGUA. En estas dos cuencas se desarrolla la mayor superficie de actividad agrícola (Koupermann, 2014).

Desde la cuenca del río Valdivia hasta el río Ayampe, el norte del territorio provincial está constituido por cuencas relativamente pequeñas y por lo tanto sus cauces principales son de igual manera de corto recorrido, debido a la cercanía de la cordillera Chongón-Colonche y el Océano Pacífico. En estas cuencas, la oferta de recurso hídrico durante la mayor cantidad de meses del año está dada por los acuíferos, los cuales son aprovechados, tanto para consumo humano, como para actividades productivas mediante la perforación y gestión de pozos someros y profundos. Es importante decir que aquí, la cantidad y calidad del agua depende del manejo adecuado que se les dé a las cuencas.

Por otro lado, los ríos y drenajes en la provincia son generalmente de tipo intermitente, ya que no existe una afluencia superficial de estos en la mayor parte del año. En el norte, en el caso de algunos afluentes, se puede decir que son permanentes debido a que, entre los meses de verano, se presenta la garúa, la cual alimenta los ríos, principalmente el río Valdivia, Manglaralto y Olón, que pueden mantener un caudal mínimo a lo largo del año, excepto en épocas más secas en donde la garúa no es importante. Los ríos de

mayor recorrido son Zapotal, Asagmones, Tambo y Hondo con más de 30 kilómetros de longitud y otros también importantes como los ríos Las Balsas, Javita, Grande, Olón, Valdivia, entre otros (Koupermann, 2014).



Figura 5. Imagen de almacenamiento de agua no permanente.

3.2.2.- Medio biótico

3.2.2.1.- La vegetación

Según el Sistema de Clasificación de Ecosistemas del Ecuador Continental, elaborado por la Subsecretaría de Patrimonio Natural del Ministerio de Ambiente del Ecuador (MAE), en su proyecto “Mapa de Vegetación”, se identifican 11 ecosistemas principales para la provincia de Santa Elena, tal y como se muestra en la Figura 6.

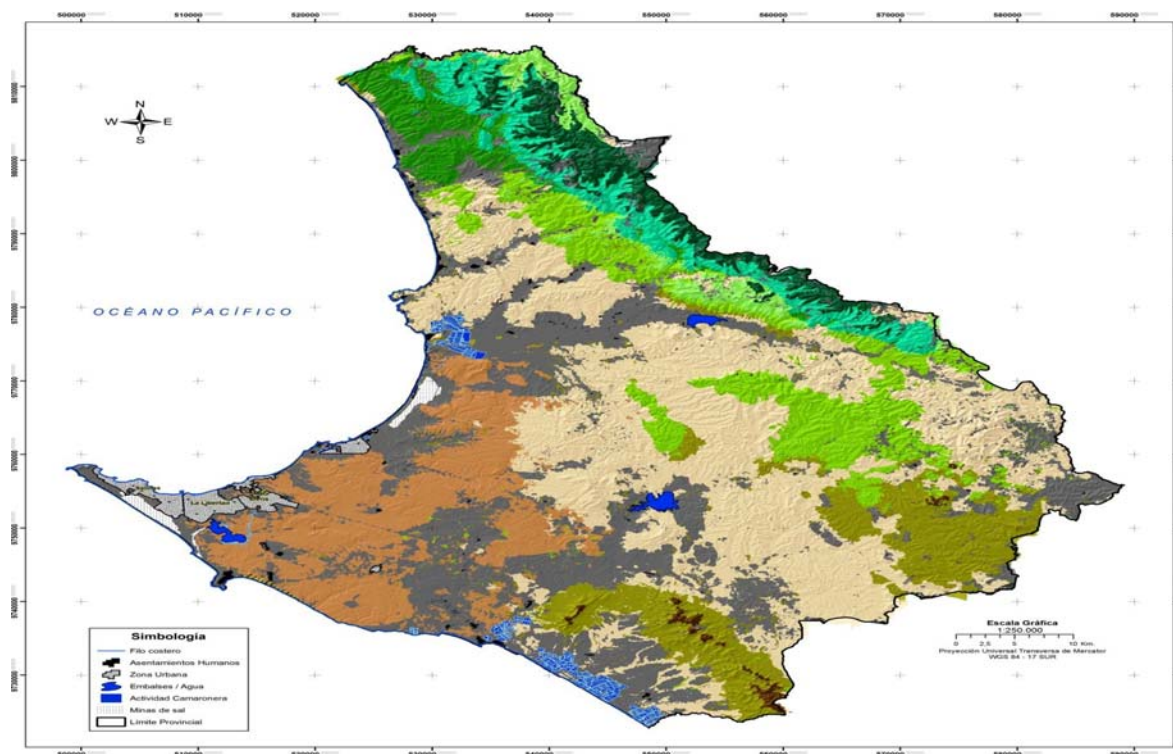


Figura 6. Tipologías de ecosistemas en la provincia de Santa Elena, según mapas de vegetación.

Las principales tipologías pertenecen al Bosque Seco, como es el caso del Bosque Deciduo de Tierras Bajas de la Costa, Bosque Deciduo Piemontano de la Costa y Bosque Semi-deciduo de Tierras Bajas de la Costa.

3.2.2.2.- La fauna

Al referirnos a la fauna, se ha mencionar que existe una gran variedad de especies como: tigrillos, venados, monos del litoral, burricón, cuchuchu, conejo de monte, ardillas, ratas, murciélagos, zorros, oso mielero y armadillos. Asimismo, entre las aves, se puede señalar las siguientes: Gallinazos o pequeños buitres, gavilanes, lechuzas, y búhos

3.2.3.- Uso y propiedad de la tierra

Según los últimos datos oficiales publicados por el Instituto Nacional de Estadística y Censos (INEC, 2018), la superficie de pastos de Ecuador asciende al 58% del total nacional, el cual se segrega en un 42% de pastos cultivados y un 16% de pastos naturales. En ese sentido, en la Tabla 3 se muestra la distribución del uso del suelo ecuatoriano, según provincia, donde se informa del número de hectáreas existentes dedicadas a pastos cultivados, pastos naturales, cultivos permanentes, cultivos transitorios, superficie total y porcentaje total.

Tabla 3 Uso y distribución de la tierra en Ecuador, según provincia y tipología de cultivo/aprovechamiento, a fecha 31/12/2015.

Provincia	Pastos Cultivados	Pastos naturales	Cultivos permanentes	Cultivos transitorios	Total	%
Manabí	840.7489	113.823	193.167	98.224	1.245.963	16,9
Guayas	203.085	75.806	265.264	267.635	811.791	11,0
Los Ríos	86.047	22.024	221.596	230.622	560.288	7,6
Loja	94.968	337.909	47.595	60.765	541.237	7,3
Esmeraldas	229.753	9.741	191.751	12.523	443.768	6,0
Morona	372.424	38.866	11.780	8.934	432.005	5,9
Pichincha	195.807	98.011	55.709	27.815	377.342	5,1
El Oro	237.301	8.220	93.442	9.057	348.020	4,7
Azuay	94.409	199.699	4.743	23.750	322.600	4,4
Bolívar	132.280	90.174	35.140	38.637	296.230	4,0
Zamora Chinchipe	154.391	44.500	11.333	4.154	214.378	2,9
Sto Domingo	145.922	1.063	52.525	5.269	204.779	2,8
Sucumbíos	106.294	4.343	54.039	8.207	172.884	2,3
Pastaza	131.970	4.878	11.641	3.257	151.746	2,1
Cañar	53.458	61.286	27.084	7.590	1149.418	2,0
Imbarura	57.667	42.141	15.174	17.644	132.626	1,8
Tungurahua	32.390	31.677	9.651	20.665	124.383	1,7
Carchi	29.609	55.409	4.266	15.941	105.225	1,4
Napo	80.286	3.076	8.441	1.903	93.906	1,3
Orellana	30.886	7.040	27.548	16.450	81.925	1,1
Santa Elena	12.759	14.411	3.387	8.371	38.927	0,5

Fuente: Instituto Nacional de Estadística y Censos. Ecuador.

La provincia de Santa Elena cuenta con el 70% de su territorio destinado a pastos, de los cuales el 33% son pastos cultivados y el 37% son pastos naturales, lo que la convierte en la cuarta región en importancia en superficie de pastos naturales tras Loja (62%), Azuay (62%) y Carchi (53%).

En otro orden de cosas, Santa Elena ha desarrollado y configurado sus dinámicas socio-económicas a partir de; en primer lugar, lo que el sistema ecológico permite en cuanto a la disponibilidad de recursos naturales, en segundo, en base a las estructuras culturales y psicológicas de su población, y la forma de entender y vincularse con el espacio que los rodea y tercero, a la intervención del Estado en proyectos que impulsen el desarrollo productivo del área rural. La Tabla 4 elaborada a partir de la cobertura de Sistemas Productivos (IEE, 2015) mediante su atributo de Uso del Suelo y la cobertura de Ecosistemas (MAE, 2013), principalmente para detallar lo concerniente a las áreas de cobertura natural – detalla las superficies y porcentaje de los usos de suelo en la Provincia.

Tabla 4. Uso del suelo en la provincia de Santa Elena, a fecha 31/12/2015.

Uso del suelo	Superficie (ha)	%
Agrícola	23.157,4	6,28%
Agropecuario mixto	1.492,6	0,40%
Pecuario	2.215,6	0,60%
Actividad camaronera	3.443,7	0,93%
Extracción de sal	1.530,3	0,41%
Áreas Urbanas	4.781,2	1,30%
Centros Poblados	1.523,7	0,41%
Antrópico	76.115,0	20,63%
Conservación y protección o pecuario	32.239,0	8,74%
Conservación y protección	222.501,5	60,30%
TOTAL	369.000	100%

Fuente: IEE, 1:25.000, 2015.

Se puede observar cómo, aproximadamente, el 69% de la provincia tiene cobertura natural bajo algún grado de intervención (IEE, 2015). Los Bosques Secos en el Ecuador, y particularmente los que se encuentran dentro del territorio provincial, han tenido importancia a nivel ambiental, social, cultural y económico para diversos segmentos de la población, urbana y rural, que de alguna manera se han relacionado con ellos. Las razones de la intervención histórica de estos bosques se han dado debido a la cantidad y calidad de productos forestales maderables, productos forestales no maderables, su biodiversidad y los servicios ecosistémicos que posee (Aguirre, 2012). Las actividades más importantes que se desenvuelven en este ecosistema son; la extracción de madera para la elaboración de muebles y carbón vegetal, la ganadería bovina y caprina, la cual en su mayoría es extensiva y no controlada, y también la cacería como medio de subsistencia.



Figura 7. Detalle de la superficie de pastos para aprovechamiento ganadero en la provincia de Santa Elena.

La actividad agrícola en la provincia de Santa Elena ocupa alrededor del 6% del territorio, lo que equivale a 23.157 hectáreas aproximadamente. Las limitaciones principales para esta actividad, como se menciona antes, son principalmente la falta y dificultad del acceso al agua para riego, tanto por la condición climatológica, como por la falta de infraestructura para almacenamiento y conducción del recurso hídrico, y la calidad de los suelos, los cuales, en su mayoría, al tener un incipiente desarrollo pedogénico, requieren de un manejo intensivo con productos fertilizantes y otros agroquímicos.

3.2.4.- Características de los sistemas de producción del Ganado Criollo de Santa Elena

En general la economía de la península de Santa Elena y de la zona de estudio se basa en la agricultura y la crianza de animales domésticos, sin embargo, salvo los meses de estación invernal, no ha habido una actividad agrícola de importancia dentro de la zona, originado por las escasas precipitaciones, lo que determina que los agricultores de la zona trabajen en otras actividades económica menos rentables. La actividad actual, se reduce al corte de árboles para la elaboración de leña y carbón, con el consiguiente problema de deforestación.

La cría de ganado se realiza con dedicación y esmero pese a la adversidad y a la limitación que impone la falta de agua. En las zonas con bajos niveles de precipitación el ganado se ha adaptado forzosamente a alimentarse con cactus y gramíneas naturales que crecen en estos terrenos áridos; sin embargo, la sequía a veces es tan abrumadora que el ganado se enfrenta a grandes dificultades para sobrevivir.



Figura 8. Detalle del sistema de explotación bovina extensiva en la provincia de Santa Elena.



Figura 9. Ejemplares de la población de Ganado Criollo de Santa Elena.

3.3. MARCO LEGAL E INSTITUCIONAL

3.3.1.- Marco normativo zootécnico en Ecuador

Teniendo en cuenta, tanto el artículo 400 de la Constitución de la República del Ecuador relativo a la soberanía sobre la biodiversidad, como el artículo 7 de la Ley Orgánica Del Régimen de la Soberanía Alimentaria relativo a la *“recuperación, uso, conservación y desarrollo de la agrobiodiversidad y de los saberes ancestrales vinculados a ella. Las leyes que regulen el desarrollo agropecuario y la agrobiodiversidad crearán las medidas legales e institucionales necesarias para asegurar la agrobiodiversidad, mediante la asociatividad de cultivos, la investigación y sostenimiento de especies, la creación de bancos de semillas y plantas y otras medidas similares así como el apoyo mediante incentivos financieros a quienes promuevan y protejan la agrobiodiversidad”*, el desarrollo de la base legal y el marco normativo zootécnico en Ecuador se sustenta en la Resolución 059 de 23 de marzo de 2016 –Registro Oficial, núm. 748- y publicado con fecha 5 de mayo de 2016 sobre la Normativa técnica aplicable para el Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas (MAGAP, 2016).

Así las cosas, asumimos el desarrollo planteado en el estudio del ganado bovino criollo de la provincia de Manabí realizado por Cevallos (2017) en este mismo ámbito:

El objetivo propuesto radica en el mejoramiento genético a través de la ejecución de la normativa técnica aplicable para el registro oficial de asociaciones de razas puras y/o sintéticas y depende de la eficiencia de los registros que garanticen la genealogía de los animales por raza y aseguren sus registros.

Asimismo, se pretende el desarrollo de una ganadería por medio del inventario, caracterización y manejo de las razas ganaderas.

3.3.1.1.- Organización

El marco zootécnico ecuatoriano se estructura en 2 títulos, 4 capítulos, 9 secciones, 36 artículos y 3 disposiciones transitorias, observando un enorme paralelismo estructural con la base legislativa del marco zootécnico español (MARM, 2009), si bien carece de Catálogo Oficial de Razas Ganaderas en el caso de Ecuador.

Tabla 5. Estructura del marco normativo zootécnico de Ecuador en el caso de la especie bovina.

Título I	Generalidades
Capítulo I	<i>Autoridad nacional competente, objeto y ámbito de aplicación.</i>
Título II	Registro oficial de razas bovinas puras y/o sintéticas
Capítulo I	<i>Definiciones, competencias y registro oficial de razas</i>
Capítulo II	
Sección I	<i>De las asociaciones de criadores de bovinos de razas puras y/o sintéticas</i>
Sección II	<i>De los establecimientos inscritos en las asociaciones de criadores de razas puras y/o sintéticas oficialmente reconocidas.</i>
Sección III	<i>De los libros genealógicos</i>
Sección IV	<i>Del control de rendimientos y programa de mejora</i>
Sección V	<i>Sistema Nacional de Información y Bases de datos de las razas</i>
Sección VI	<i>Reproducción y Bancos de germoplasma</i>
Sección VII	<i>Ferias ganaderas de la raza</i>
Sección VIII	<i>Órganos de coordinación</i>
Sección IX	<i>Laboratorios y Centros de genética</i>
Capítulo III	<i>Importaciones</i>
Capítulo IV	<i>Información y Registros</i>

3.3.1.2.- Estructura y Funcionamiento del Libro Genealógico

La organización de los libros genealógicos del ganado vacuno en Ecuador viene regulada por los artículos 18, 19 y 20 de la referida Resolución 059, de 23 de marzo de 2016, de la forma que sigue:

División del libro genealógico: Todo libro genealógico deberá ser específico para cada raza y estará integrado, al menos, de una Sección Principal, que podrá estar formada por los siguientes registros:

- *Registro de Servicios:* Para aquellos animales de ambos sexos que hayan participado en un servicio, inseminación o transferencia de embriones.
- *Registro de Nacimientos:* Para aquellos animales de ambos sexos que cumplan las condiciones del artículo 19 y los reglamentos específicos para cada raza.
- *Registro Definitivo:* Para aquellos ejemplares reproductores que procedan del registro de nacimientos y cumplan las condiciones del artículo 19 y los reglamentos específicos para cada raza.

Además, salvo en los supuestos en que, de conformidad con la normativa internacional no sea posible, podrán constituirse los siguientes registros o secciones anexas, que se ajustarán a los criterios técnicos de cada raza:

- *Registro Fundacional:* Para libros genealógicos de nueva creación o que cuentan con pocos ejemplares registrados, en el que se incluirán, siempre referidos a una fecha límite desde la creación del libro o registro, aquellos animales que cumplan las características mínimas de la raza o las condiciones establecidas reglamentariamente para la apertura de ese nuevo registro.
- *Sección Auxiliar:* Para aquellos animales o sus descendientes, o sólo para las hembras, en su caso, que, o bien tienen alguna genealogía desconocida, o bien no fueron registrados en su momento, pero que superen la prueba de valoración o calificación prevista para cada raza y demuestren - por sí mismos o a través de sus descendientes- unas cualidades fenotípicas, productivas o funcionales notables, siempre de acuerdo con los reglamentos específicos para cada raza.

- *Registro de Méritos: En él se inscribirán los animales reproductores pertenecientes a la sección principal que hayan demostrado unas cualidades genéticas y fenotípicas sobresalientes, de acuerdo los reglamentos específicos para cada raza.*

Inscripción de los animales en el libro genealógico: Sólo podrán ser objeto de inscripción, en sus respectivos libros genealógicos, los ejemplares en los que concurren las circunstancias que se especifican en esta normativa, y en el reglamento específico de cada raza.

- a) En la Sección Principal del libro genealógico correspondiente a cada una de las razas se inscribirán los animales que cumplan, al menos, los siguientes requisitos:
 - Provenir de padres y abuelos inscritos o registrados en el libro genealógico de la misma raza. No obstante lo anterior, en las razas cuyo reglamento específico disponga que la inscripción de padres y abuelos haya sido realizada en la sección principal del libro genealógico, el registro fundacional se considerará, a estos efectos, parte de la sección principal del libro genealógico.
 - Haber sido declarada la cubrición, la inseminación artificial o la transferencia de embriones por el ganadero o un profesional responsable de la misma en el libro de servicios, y haber sido declarado el nacimiento en el libro de nacimientos por el procedimiento establecido a estos efectos por la asociación de criadores gestora del libro genealógico, o por vía telemática, en su caso. Se podrán establecer excepciones para la exigencia de declaración de cubrición en el caso de las razas explotadas en sistema extensivo, conforme se detalle en el reglamento específico de cada raza.
 - Haber sido identificados de acuerdo con lo previsto en la presente normativa.

- Tener establecida una filiación, con arreglo a las normas del libro genealógico de cada raza y a las disposiciones del artículo 20 del presente instrumento legal.
- b) En el Sección Auxiliar del libro genealógico podrán ser inscritos o registrados los ejemplares que se encuentren en alguno de los siguientes casos:
- Cuando una hembra no responda a los requisitos exigidos para ser inscrita en la Sección Principal (Registro de Servicios, Registro de Nacimientos y Registro Definitivo), la asociación de criadores que gestione el libro genealógico podrá decidir que dicha hembra sea inscrita o no en la sección auxiliar de dicho libro, siempre que responda a las siguientes exigencias:
 - Ser identificada de acuerdo con las normas establecidas en el libro genealógico.
 - Ajustarse al patrón estándar de la raza. Responder, en el caso de existir, a los criterios de rendimientos mínimos fijados, según las normas establecidas en el programa de mejoramiento.
 - Las dos últimas exigencias mencionadas en el apartado anterior podrán ser diferenciadas, según que dicha hembra pertenezca a dicha raza, aunque carezca de origen conocido.
 - Exclusivamente en las razas en que así lo permita la normativa, los machos que cumplan los requisitos que al efecto apruebe la autoridad competente.
- c) Sin perjuicio de lo anterior: i. La hembra cuya madre y abuela estén inscritas en la Sección Auxiliar del libro, de acuerdo con los criterios señalados en el apartado C, y cuyo padre y dos abuelos estén inscritos en la Sección Principal (Registro de Servicios, Registro de Nacimientos

o Definitivo), será considerada hembra de raza pura y se inscribirá en la citada Sección Principal, siempre de acuerdo con la normativa. Aquellos animales inscritos en la Sección Auxiliar de los que pueda demostrarse la ascendencia genealógica necesaria para acceder a la Sección Principal, por marcadores genéticos o, en su caso, mediante otros medios o mecanismos válidos y reconocidos internacionalmente, que deberán ser determinados, podrán ser inscritos en dicha Sección Principal. iii. Los ejemplares procedentes de otro país que satisfagan los reglamentos específicos de cada raza, podrán inscribirse en el Registro de un libro genealógico a cuyos criterios corresponda, siempre que vayan acompañados de la documentación que contenga los datos necesarios para practicar dicha inscripción, de acuerdo con la normativa específica de raza. Ninguna asociación reconocida oficialmente podrá oponerse a tal inscripción en su libro genealógico.

Filiación:

Las Asociaciones de criadores oficialmente reconocidas y las autoridades competentes deberán establecer mecanismos de control de filiación para garantizar las genealogías de los animales inscritos en los libros genealógicos de cada raza, a través de análisis de los marcadores genéticos o en su caso mediante otros medios o mecanismos válidos y reconocidos por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG, por sus siglas en inglés) que deberán ser determinados en los Reglamentos Específicos de la raza y ser acordes a las indicaciones del Centro Nacional de Referencia en Genética Animal.

El control de filiación de los animales inscritos en los libros genealógicos se llevará a cabo mediante un muestreo aleatorio y un control obligatorio. El muestreo aleatorio se hará sobre los ejemplares existentes en las ganaderías de esa raza, y prioritariamente sobre los que hayan sido obtenidos mediante la aplicación de técnicas de reproducción asistida; mientras, el control obligatorio se realizará en los siguientes casos:

Para los machos que participen en pruebas de valoración individual. ii. Para los machos destinados a la reproducción, ya sea mediante la inseminación artificial, o por monta natural

En todo caso, las asociaciones de criadores oficialmente reconocidas para la gestión del libro genealógico podrán establecer que, con carácter obligatorio, se lleve a cabo el control de filiación en las poblaciones que se considere necesario.

3.3.1.3.- Valoración de reproductores

Según el artículo 23 de la Resolución 059, de 23 de marzo de 2016, (MAGAP, 2016), la valoración de los reproductores será responsabilidad de las asociaciones de criadores oficialmente reconocidas para llevar los libros genealógicos y/o rendimiento lechero o cárnico o por la entidad competente respectiva. Dicha evaluación genética deberá realizarse en base a las siguientes modalidades:

- i. Valoración por ascendencia: válida tanto para elegir los progenitores que se utilizarán en los apareamientos dirigidos como para la elección de los animales candidatos a sementales en la subsiguiente valoración individual del animal. Podrán tenerse en cuenta un mayor o un menor número de generaciones que les preceden, y la información contendrá valores genéticos (maternos y paternos), y características fenotípicas y genealógicas.
- ii. Valoración individual del animal: es la que se lleva a cabo directamente sobre el individuo, a través de la comprobación de sus características y el control de sus rendimientos. Se podrá efectuar en campo, en estación o en otros lugares autorizados por la asociación respectiva o por la entidad competente.

iii. Valoración por la descendencia y colaterales: es aquella que se hace sobre un individuo a través de los controles de la progenie y los animales relacionados por parentesco, distribuidos en las distintas haciendas.

La evaluación genética se llevará a cabo basándose en la información genealógica y fenotípica. Los resultados se expresarán en forma de valores genéticos, en la documentación genealógica y en los catálogos de sementales y hembras mejorantes de la raza para los distintos objetivos de selección. Al publicar los resultados de la evaluación, se incluirán los datos sobre la fiabilidad y la fecha de evaluación. Asimismo, dicha evaluación se podrá complementar con el cálculo de índices sintéticos específicos para cada objetivo.

Los métodos estadísticos aplicados en la evaluación genética de los animales, y la precisión de ésta, deberán ajustarse a la normativa y a los principios establecidos por el Comité Internacional de Registro Animal para la comprobación de rendimientos del ganado (ICAR).



Figura 10. Vista lateral en un animal de la muestra estudiada de GCSE, donde pueden observarse algunas de las variables fanerópticas y morfológicas consideradas.

3.4. MARCO CONCEPTUAL METODOLÓGICO

3.4.1.- Concepto de raza

El concepto de raza es multidimensional, ya que la naturaleza de los caracteres comunes que definen a un determinado grupo animal, no residen solo en la forma, la estructura y la faneróptica, sino también en la fisiología, la nutrición, la reproducción, en la capacidad de adaptación, en aspectos patológicos, comportamentales o productivos, heredables, definidos, pero interactuados entre sí y con el medio que habitan. No es posible explicar el concepto de raza sólo desde una única dimensión, sea de base morfológica, faneróptica, morfoestructural o productiva, sino por la suma de todos estos aspectos (Sierra, 2001).

Herrera (2003) indica que la definición de la raza significa intervención humana, ya que “el grupo de animales es creado a priori en la mente de los criadores en función de determinadas necesidades, incidiendo sobre ellos hasta que sus semejanzas respondan al modelo mental creado. Por lo tanto, la aplicación de la palabra raza a un grupo de animales implica intervención humana, la más directa, la de sus criadores: “Ellos son los que fijarán los caracteres que les sean más útiles y provechosos”.

En cualquier caso, para la FAO (2007), las razas son “*conceptos culturales más que entidades físicas, y el concepto varía de un país a otro. Para que sea posible llevar a cabo una ordenación sostenible, es necesario considerar y comprender la diversidad en los ámbitos de la especie, entre las razas y dentro de las mismas razas. En los 12.000 años transcurridos desde la primera domesticación, se han desarrollado más de 7.000 razas de animales domésticos. Estas razas representan ahora combinaciones únicas de genes. Por tanto, todos los recursos zoogenéticos son el resultado de la intervención humana, y estos recursos, a diferencia de la biodiversidad silvestre, requieren una gestión humana permanente y activa*”.

3.4.2.- Caracterización zoométrica

En este epígrafe, asumimos completamente la metodología planteada por Cevallos (2017) en su tesis doctoral sobre la caracterización morfométrica del ganado criollo de Manabí, la cual derivó fundamentalmente de los postulados de Parés (2009), siendo la que sigue:

Variables zoométricas:

Las principales medidas lineales se agrupan en cuatro bloques: a) medidas de alzada: alzada a la cruz, alzada al dorso, alzada a la grupa, alzada al nacimiento de la cola y alzada al esternón; b) medias de longitud: longitud de la cabeza, longitud craneal, longitud facial, diámetro longitudinal, longitud occípito-coxígea, y longitud ilio-isquiática o de la grupa; c) medias de anchura: anchura de la cabeza, anchura craneal, anchura facial, diámetro bicostal, diámetro entre encuentros y anchura de la grupa; y d) perímetros: perímetro torácico, perímetro del carpo, perímetro de la caña anterior, perímetro de la caña posterior y perímetro abdominal.

Anchura de la cabeza (ACF). Distancia máxima existente entre los puntos más salientes de los arcos cigomáticos u órbitas. Tomada con compás de brocas.

Longitud de la cabeza (LCF). Distancia máxima existente entre la protuberancia occipital externa (nuca) y el punto más rostral o anterior del labio maxilar. También denominada Longitud cefálica total. Tomada con compás de brocas.

Longitud de la cara (LR). Distancia existente entre el punto medio de la línea imaginaria que une los arcos cigomáticos y el punto más rostral o anterior del labio maxilar. También denominada longitud facial. Tomada con compás de brocas.

Longitud del cráneo (LCR). Distancia existente entre la protuberancia occipital externa y el punto medio de la línea imaginaria que une los arcos cigomáticos. Tomada con compás de brocas.

Alzada a la cruz (ACR). Distancia existente entre el punto más culminante de la cruz (entre tercera y cuarta apófisis espinosas de las vértebras torácicas) y el suelo. Denominada también alzada principal o talla. Tomada con bastón zoométrico.

Diámetro bicostal (DBC). Distancia existente entre ambos planos costales a nivel de la 5ª costilla (en la zona más próxima a la axila). Denominada también anchura torácica. Tomada con bastón zoométrico.

Distancia entre encuentros (DEE). Distancia existente entre los puntos más craneales y laterales de los encuentros o articulaciones escápulo-humerales. Tomada con bastón zoométrico.

Diámetro dorsoesternal (DDE). Distancia existente entre el punto más declive de la cruz y la cara inferior de la región esternal por detrás del codo. Tomada con bastón zoométrico.

Perímetro torácico (PT). Distancia que se recorre desde el punto más declive de la cruz descendiendo por el costado hasta la región esternal en el punto situado inmediatamente por detrás del codo y llegando nuevamente hasta la cruz por el otro costado. También denomina perímetro recto torácico. Tomada con cinta métrica flexible e inextensible.

Perímetro de la caña anterior (PC). Distancia que recorre la parte más estrecha del hueso metatarso, en su tercio medio. Tomada con cinta métrica flexible e inextensible.

Longitud occipital-isquial (LOI). Distancia que comprendida entre el punto más craneal y lateral de la articulación escápulo humeral

(encuentro) y el punto más caudal de la tuberosidad isquiática (punta de nalga). Tomada con bastón zoométrico.

Alzada entrada a la grupa (AEG). Distancia existente entre la unión entre el lomo y la grupa y el suelo, en línea completamente vertical. Denominada también “*alzada a las palomillas*”. Tomada con bastón zoométrico.

Longitud de la grupa (LG). Distancia comprendida entre la tuberosidad ilíaca externa (punta del anca) y la tuberosidad isquiática (punta de la nalga). También denominada longitud ilio-isquiática Tomada con compás de brocas.

Anchura interilíaca (AI). Distancia comprendida entre las dos tuberosidades ilíacas externas o puntas del anca. Tomada con compás de brocas.

Peso vivo (PV). Peso del animal. Tomado con báscula Gallagher W210

Finalmente, las tablas 6 a 9 muestran, a modo de compendio, los valores promedio para las variables zoométricas observados razas en bovinas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador, así como razas criollas existentes en otros países iberoamericanos

Tabla 6. Variables zoométricas en razas bovinas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador (*).

PAIS	RAZA	AÑO	LCF	ACF	ACR	LOI	PT	PC	LG	All	PV
Ecuador	Pizán	2008	44,1	20,7	130,0	139,5	177,0	17,8	46,55	43	
Ecuador	Colorado Lojano	2011	48,4	21,3	115,6	190	164,9	16	46	41	280
Ecuador	Encerado Lojano	2011	49	21,4	115,0	187	161	16	45,5	42	265
Ecuador	Negro Lojano	2011	49	21	117,0	191	164	16,3	47	41	300
Ecuador	Pintado Lojano	2011	48,5	21	114,7	188,6	160	16	45	41,6	262
Ecuador	Patus	2015	47,5	20,8	108,5	131,5	165,83	15,5	34,42	40,83	
Ecuador	Macabea	2015	51,90	25,0	125,0	143,6	177,0		52,5	50,0	
Ecuador	Criollo Esmeraldas	2015	48,1	21,2	128,79	150,02	166,87	17,20	43,82	39,56	
Ecuador	Criollo Cuenca	2016	49,5	21,2	123,3	145,2	170,9	16,9	46,8	46,9	374,9
Ecuador	Holstein	2016	50,3	22,2	129,5	149,9	178,9	17,9	47,6	48,1	425,5
Ecuador	Brown Swiss	2016	51,6	22,2	133,8	155,2	179,9	18,1	48,9	51,0	444,6
Ecuador	Jersey	2016	47,6	21,4	121,8	141,2	168,9	16,8	46,8	46,3	355,7

* Valores promedio expresados en cm., excepto peso vivo en kg.

Tabla 7. Variables zoométricas en razas bovinas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador (*). Continuación.

PAIS	RAZA	AÑO	LCF	ACF	ACR	LOI	PT	PC	LG	All	PV
Ecuador	Holstein	2017	50.3	22.0	128.6	150.1	171.3	16.9	48.0	48.2	392.9
Ecuador	Jersey	2017	46.1	21.9	123.4	147.1	171.4	17.1	45.8	46.5	381.2
Ecuador	Criollo Cuenca	2017	49.4	22.3	121.1	142.8	164.5	17.0	46.9	46.6	339.5
Ecuador	Brown Swiss	2017	53.7	22.8	131.9	152.3	177.8	18.2	49.7	50.4	
Ecuador	Criollo Zamora Chinchipe	2017	54.1	18.6	129	187.8	173.1	14.2	51	48.6	
Ecuador	Mestizo criollo Holstein	2018	50.4	21.5	124	130.9	165.2	16.8	47.6	48.1	347
Ecuador	Mestizo predom. criollo	2018	51.9	22.1	128	136.6	175.0	17.1	48.5	49	409.5
Ecuador	Criollo Occiden azuay	2018	46.8	21.0	124.8	127.1	161.2	165	44.5	44.8	319

* Valores promedio expresados en cm., excepto peso vivo en kg.

Tabla 8. Variables zoométricas en razas bovinas criollas y exóticas explotadas en otros países iberoamericanos (*).

PAIS	RAZA	AÑO	ACF	LCF	ACR	LOI	PT	PC	LG	All	PV
Uruguay	Criollo Uruguayo	2001			119,17	137,93	156,35	16,5	31,84	41,44	
Argentina	Criollo Argentino	2002	50-53	22-23	117-125	154-170	164-188				
México	Criollo Mixteco	2002			103,16	111,15	134,1	16,1	37,04	31,95	176,51
Colombia	Casanare	2003	49,05	21,95	121,05	176,5	160,5	16,6	41,2		357
Argentina	Criollo Patagónico	2007	57,95	30,8	130,0	181,9	199		59,01	20,2	
España	Serrana de Teruel	2009	40 - 58	16 - 26	117 - 141	145,5	175	19 - 25	40 -54	38 -54	
Colombia	Caqueteño	2010	51,3	35,3	126,5	146,9	174,1	20,9	42,9	37,1	372,8
Colombia	Hartón del valle	2010	48,3	37,2	129,2	152,3	160,1	21,3	40,5	38,8	465
Colombia	Romosinuano	2010	46,4	38,9	123,5	145,5	175,5	20,6	39,7	38,5	412,2
Colombia	Costeño con Cuerno	2010	47,4	39,3	120,7	125	174,3	21,2	36,9	37,8	415
Colombia	Bon	2010	48.07	21.28	122.02	142.85	166.75		42.04	27.37	367.79
Venezuela	Limonero	2012	45 - 54	23 - 30	116 - 135	134,5	171,5	17 -23	31- 41	60- 76	

* Valores promedio expresados en cm., excepto peso vivo en kg.

Tabla 9. Variables zoométricas en razas bovinas criollas y exóticas explotadas en otros países iberoamericanos (*). Continuación.

PAIS	RAZA	AÑO	ACF	LCF	ACR	LOI	PT	PC	LG	AII	PV
Colombia	Blanco Orejinegro	2014	44- 55	21 -26	114 -133	185,5	174	14 -19	44 -58	39 -57	460
Panamá	Criollo Panamá	2014	43,1	21,0	116,0	125,5	149,5		36,5	36,5	
Perú	Fleckvieh (hembras)	2015	52.29	24.28	130.82	162.11	194.71	20.84	48.82	52.55	
Perú	Fleckvieh (machos)	2015	56.04	28.89	137.86	175.21	219.64	25.07	52.39	56.86	
Perú	Criollo Ayacucho	2016			113.53	127.56	157.09	16.44	41.69	40.41	
Perú	Criollo Puno	2016			124.89	146.20	169.55	17.08	43.79	43.20	
Perú	Criollo, Carapo Huancasancas Ayacucho	2016			103.08	104.08	132.75	14.92	32.42	36.62	
Argentina	Criollo Argentino	2016	48.67	20.33	103.2	161.5	173.0	18.1	52.8	46.5	456.3

* Valores promedio expresados en cm., excepto peso vivo en kg.

Índices zoométricos:

Los índices zoométricos son el resultado de combinar dos variables zoométricas entre si y nos aportan información sobre la proporcionalidad existente entre las referidas variables métricas. En ese sentido, la información ofrecida por estos índices tiene un alto poder discriminante al acumularse la información de las dos variables, superando en muchas la que ofrece cada variable de forma individual y aislada (Hevia y Quiles, 1993).

Así las cosas, se dividen en tres grupos claramente diferenciados, por un lado aquellos de interés etnológico que se utilizan para la diagnosis racial: índice cefálico, índice craneal, índice facial, índice corporal, índice torácico, índice ilio-isquiático e índice de compacidad; por otro lado, aquellos otros de interés funcional: índice dáctilo-costal (aptitud lechera), índice de proporcionalidad, índice de proporcionalidad relativa del tórax, índice de peso relativo, índice de grueso relativo de la caña, índice de carga de la caña, índice dáctilo-torácico e índice podal posterior; y, finalmente, otros índices: índice de anamorfosis, coeficiente de proporcionalidad corporal, índice de gracilidad subesternal, índice auricular/tórax, índices de Alderson (índice de peso, índice de alzada inclinada, índice de longitud, índice de anchura inclinada, índice de longitud de equilibrio de la pata delantera, índice de balance, índice acumulado e índice de profundidad) e índices de Skorkowski (W1, W2, W3, W4, W5, W6).

Especial atención merece la información suministrada por los índices zoométricos basados en caracteres étnicos referidos a la cabeza dado que se trata de una región corporal muy poco influenciada por los factores medioambientales y por el manejo, siendo por tanto indicadores de gran interés desde el punto de vista la diagnosis racial, a diferencia del resto de índices zoométricos que podrían verse afectados por determinados factores de variación, como sería el caso del estado de carnes del animal.

Los principales índices son:

Índice cefálico ($ICEF = ACF \cdot 100 / LC$). Es la relación existente o cociente establecido entre la anchura de la cabeza ($\times 100$) y la longitud de la cabeza. Este índice permite clasificar los animales en dolicocefalos (< 50), braquicefalos (> 50) y mesocéfalos (50).

Índice torácico ($ITOR = DBC \cdot 100 / DDE$). Es la relación existente o cociente establecido entre diámetro bicostal ($\times 100$) y el diámetro dorso-esternal. El índice torácico refleja las variaciones en la forma de la sección torácica, siendo mayor (más circular) en el ganado de carne y menor (más elíptico) en el ganado lechero. Para las razas mediolíneas tenemos un índice entre 86 y 88, situándose el brevilíneo en 89 o más y el longilíneo en 85 o menos, según (Pares, 2009)

Índice pelviano ($IPEL = AG \cdot 100 / AII$). Es la relación existente o cociente establecido entre la anchura inter-ilíaca ($\times 100$) y la longitud ilioisquiática. Este índice indica la relación entre anchura y longitud de pelvis, lo que refleja una pelvis proporcionalmente más ancha que larga o al revés. También denominado índice ilio-isquiático.

Índice de peso relativo ($IPR = PV \cdot 100 / ACR$). Es la relación existente o cociente establecido entre el peso vivo ($\times 100$) y la alzada a la cruz. También denominado de compacidad.

Índice dáctilo-costal ($IDC = PC \cdot 100 / DBC$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior ($\times 100$) y el diámetro bicostal.

Índice de profundidad relativa del tórax ($IPRT = DDE \cdot 100 / ACR$). Es la relación existente o cociente establecido entre el diámetro dorso-esternal ($\times 100$) y la alzada a la cruz.

Índice de grueso relativo de la caña ($IGRC = PC \cdot 100 / ACR$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior ($\times 100$) y la alzada a la cruz.

Índice de carga de la caña ($ICC = PC \cdot 100 / PV$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior ($\times 100$) y el peso vivo.

Índice dáctilo-torácico ($IDT = PC \cdot 100 / PT$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro de caña anterior ($\times 100$) y el perímetro recto torácico. El índice dáctilo-torácico proporciona igualmente una idea del grado de finura del esqueleto, siendo su valor mayor en los animales carniceros que en los lecheros. No debe deducirse de ello que sea siempre deseable un aumento del volumen de las extremidades, un “exceso de hueso”, puesto que debe considerarse también la calidad y forma de los huesos, así como de las articulaciones y tendones. También denominado índice metacarpo-torácico.

Índice de anamorfosis ($IANA = PT^2 / ACR$). Es la relación existente o cociente establecido entre el perímetro recto torácico (elevado a 2) y la alzada a la cruz. Un índice menor indica un tipo más alto de patas y más liviano, tendente a un tipo de velocidad; en caballos, un aumento en este índice indica una tendencia hacia un tipo de fuerza (Dowdall, 1987).

Índice morfológico de Alderson sobre alzada inclinada ($IALD1 = ACR - AEG$). Es la diferencia existente entre la alzada a la cruz y la alzada a la grupa.

Índice morfológico de Alderson sobre longitud de equilibrio de la pata delantera ($IALD2 = ACR - DDE$). Es la diferencia existente entre la alzada a la cruz y el diámetro dorso-esternal.

Índice Skorkowski W1 ($W1 = ACF \cdot 100 / LR$). Es la relación existente o cociente establecido entre la anchura de la cabeza (x100) y la longitud de la cara.

Índice Skorkowski W5 ($W5 = ACR \cdot 100 / DDE$). Es la relación existente o cociente establecido entre la alzada a la cruz (x100) y el diámetro dorso-esternal.

Índice Skorkowski W6 ($W6 = DDE \cdot 100 / DE$). Es la relación existente o cociente establecido entre el diámetro dorso-esternal (x100) y la anchura entre encuentros.

3.4.3.- Caracterización morfológica

Tradicionalmente, la caracterización morfológica ha sido implementada en numerosos estudios descriptivos de base racial por un nutrido elenco de etnólogos y zootecnistas, habiéndose planteado como una investigación adicional y complementaria a aquella de base zoométrica. Entre ellos cabe destacar las aportaciones de Herrera (2003), quien defendía el estudio de los caracteres cualitativos basado en la apreciación de la forma en determinadas regiones corporales de un individuo y que puede ser utilizado en un proceso de comparación con el ideal de la raza. En cualquier caso, las principales variables morfológicas se agrupan en tres grandes bloques; el primero de ellos, relativo a la región de la cabeza: perfil cefálico, tamaño de las orejas, orientación de las orejas y tipo de orbitas; un segundo, centrado en las regiones corporales, principalmente tronco y extremidades: Longitud del cuello, presencia/ausencia de giba, línea dorsolumbar, vientre, inclinación de la grupa, posición del nacimiento de la cola, forma de la nalga, finura de la cola y aplomos; y finalmente, un tercer grupo específico de las características de la ubre en el caso de las hembras: inserción de la ubre, simetría en la forma de las ubres, tamaño de los pezones, uniformidad de los pezones y presencia de pezones supernumerarios.

Las principales variables son:

Perfil cefálico: Esta variable, que mide la silueta del perfil del hueso frontal de los animales, es una de los tres caracteres plásticos (junto al peso y las proporciones corporales) del sistema descriptivo desarrollado por Baron para la clasificación racial. Así se tienen animales con perfil recto o rectilíneos (0) que se considera el tipo medio, otros son concavilíneos (-), que sería la desviación negativa y en sentido positivo serían los convexilíneos (+). El perfil recto se denomina ortoide, el perfil cóncavo es celoide, y el convexo también se conoce como cirtoide. Asimismo, también pueden encontrarse denominaciones ultra y sub que hacen referencia a extremos biológicos o intermedios, respetivamente.

Tamaño de las orejas: Porte o envergadura de dicha región corporal en el animal, valorando si el ejemplar tiene un tipo de oreja pequeña, mediana o grande.

Orientación de las orejas: Disposición o alineación de dicha región corporal en el animal respecto a la horizontal del suelo, valorando si el ejemplar tiene un tipo de oreja horizontal, inclinada o caída.

Órbitas: Relieve que dicha región corporal presenta respecto a la superficie circundante de la cabeza del animal, valorando si el ejemplar tiene las órbitas marcadas, poco marcadas o muy marcadas.

Longitud del cuello: Extensión de dicha región corporal del animal, valorando si el ejemplar tiene un cuello de tipo corto, mediano o largo.

Giba o morrillo: Protuberancia cérvico-torácica consistente en el desarrollo exacerbado o hipertrofia del músculo romboide cervical, posiblemente sin funcionalidad específica, pero pudiéndose considerar un carácter sexual secundario. Se determina la presencia o ausencia de dicho carácter en el animal.

Línea dorsolumbar: Línea que forma la columna vertebral del animal respecto a la horizontal, valorando si el ejemplar tiene una línea dorso lumbar de tipo recto, poco ensillada (algo hundida) o claramente ensillada (hundida).

Vientre: Línea que forma dicha región corporal respecto a la horizontal, valorando si el ejemplar tiene un vientre de tipo recogido, algo recogido o muy recogido.

Inclinación de la grupa: Variable que define el ángulo que forma con la horizontal, la línea que une la punta del anca con la de la nalga, valorando si el ejemplar presenta una inclinación horizontal, algo inclinada o muy inclinada.

Posición nacimiento de la cola: Situación o emplazamiento de esta región corporal respecto a la grupa, valorando si el ejemplar tiene una un nacimiento de la cola de tipo alto, en línea o entre isquiones.

Forma de la nalga: Relieve del borde posterior del muslo que informa del desarrollo muscular existente en dicha región corporal en el animal. Se determina si el ejemplar tiene un tipo cóncavo, recto, suavemente convexa o convexa.

Finura de la cola: Espesor de dicha región corporal del animal, valorando si el ejemplar tiene una cola de tipo fina, mediana o gruesa.

Aplomos: Líneas verticales que determinan la dirección que deben tener los miembros del animal para considerarse bien conformados, valorando si el ejemplar tiene buenos aplomos o presenta defectos ya sea en un par o en ambos pares.

Inserción ubre: Líneas que nos indican la ubicación y la fuerza con que la ubre se adhiere a la pared abdominal mediante los ligamentos laterales, determinando si el animal tiene una inserción de ubre mala o pendulosa, normal y firme, o avanzada en meseta.

Tamaño de los pezones: Dimensión de dicha parte de la ubre, determinando si el ejemplar presenta un tipo pequeño, mediano o largo.

Pezones supernumerarios: Pezones adicionales o extras, generalmente no funcionales, que se sitúan en posiciones ectópicas en la ubre. Se determina la presencia o ausencia de dicho carácter en el animal.

3.4.4 Caracterización faneróptica

Se trata de la tipología de variables más frecuentemente utilizadas en estudios zooetnológicos de índole descriptiva a lo largo de la historia, dada la aparente facilidad en la recogida de información en la mayor parte de los casos. Asimismo, estos atributos han sido determinantes en muchas ocasiones para establecer la diferenciación inicial entre distintas poblaciones, al menos desde el punto de vista administrativo.

Las variables fanerópticas se agrupan principalmente en tres bloques: a) De la capa: Extensión de la capa, color de la capa, pigmentación de las mucosas, pigmentación de las pezuñas y pigmentación ubre/escroto; b) De los cuernos: posición de los cuernos, forma de los cuernos, desarrollo de los cuernos, sección del cuerno, color de la pala, color del pitón; y, c) De la piel y el pelo: presencia/ausencia de papada; ausencia/presencia de pliegue umbilical, presencia/ausencia de morillo o giga, longitud del pelo, finura del pelo, presencia/ausencia de flequillo.

Las principales variables son:

Extensión de la capa: Esta variable mide la extensión de la coloración de la capa, valorando si el ejemplar presenta capa uniforme por todo el cuerpo o, también denominada, monocolor (un solo color), o bien capa bicolor (dos colores) o, en su caso, tricolor (tres colores).

Color de la capa: Esta variable mide el color base de la capa y la presencia de aquellos otros colores complementarios, en su caso, valorando si el ejemplar presenta capa blanca, baya, colorada, castaña, negra, berrenda en colorado, berrendo en negro o jaspeada. En este sentido, los distintos pelajes se deben a dos pigmentos básicos, el negro y el castaño (colorado), que unidos al blanco (falta de pigmentación) y modificados por una serie de factores de extensión, restricción, distribución, intensidad y dilución determinan toda la gama de colores de capa (Rabasa *et al.*, 1976).

Particularidades complementarias de la capa: Esta variable mide la existencia de particularidades complementarias de la capa de color blanco, valorando la presencia o ausencia de los caracteres bragado, meano, bociblanco, lucero, coliblanco, orejinegro y cariblanco, entre otros.

Pigmentación de las mucosas: Esta variable mide el tipo de pigmentación existente en las mucosas nasales, valorando si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada. Las mucosas externas de los bovinos se ubican en el hocico o morro, en la región palpebral y en la región perianal. El gen Ps en estado homocigoto determina pigmentación negra en las citadas regiones. El estado heterocigoto (Psps) da una pigmentación parcial de las mismas regiones y se denomina hocico pintado. El doble recesivo (psps) da un hocico de color pardo rosado que por oposición se llama hocico blanco (Rabasa *et al.*, 1976). Este gen forma parte de un grupo de ligamiento junto al gen Bs. asociado con fertilidad femenina en bovinos Criollos (Sal Paz *et al.*, 1976)

Pigmentación de las pezuñas: Se mide la pigmentación de las pezuñas, determinando si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada.

Pigmentación de la ubre/escroto: Se mide la pigmentación de la ubre/escroto, determinado si el ejemplar presenta pigmentación en negro, mixta o sonrosada.

Posición de los cuernos: Esta variable mide la posición del cuerno respecto a su lugar de nacimiento, valorando si el ejemplar presenta el tipo proceros (cuernos con nacimiento delante de la línea de nuca), ortoceros (nacimiento en la propia línea de la nuca) y opistoceros (nacimiento detrás de la línea de la nuca).

Forma de los cuernos: Esta variable mide la forma del cuerno, valorando si el ejemplar presenta el tipo espiral, gancho alto, gancho medio, gancho bajo, semilunar, en copa, gancho alto invertido, en corona, o en forma de lira.

Desarrollo de los cuernos: Esta variable mide el porte o volumen de los cuernos, valorando si el ejemplar presenta cuernos de tipo grande, mediano o pequeño.

Sección del cuerno: Esta variable mide la forma del área del cuerno en su base, valorando si el ejemplar presenta cuernos con sección tipo circular o tipo oval.

Color de la pala: Esta variable mide la coloración de la pala del cuerno, valorando si el ejemplar presenta coloración clara u oscura.

Color del pitón: Esta variable mide la coloración de la punta o pitón del cuerno, valorando si el ejemplar presenta coloración blanca, acaramelada-verdosa o negra.

Tipo de pelo: Variable que puede segregarse en otras dos, como es la Longitud del pelo, como la variable que mide la longitud del pelo del animal, valorando si el ejemplar tiene un tipo de pelo corto, medio o largo; y la Finura del pelo, como la variable que mide el diámetro del pelo del animal, valorando si el ejemplar tiene un tipo de pelo fino, medio o

grueso. En ese sentido, según Bavera (2004), el efecto del viento es mayor en el pelaje corto que en el largo, al renovar la capa de aire saturado por otro más seco. El pelaje corto, lustroso y ralo se observa en los animales adaptados al clima tropical, ya que al retener menos aire favorece la transferencia térmica por radiación y convección; es una capa menos aislante (Bavera, 2004). Los animales que cambian o mudan su pelo antes, soportan mejor elevadas temperaturas y los animales de tamaño grande dentro de una misma raza tienen menos densidad de pelo que los de menor tamaño (Bavera, 2004). Asimismo, el pelo largo y abundante está presente en aquellas razas localizadas en zonas frías.

Tupé o flequillo: Variable que mide el pelo existente en la testuz o frente del animal, valorando la presencia o ausencia del mismo.

Papada: Se trata del pliegue cutáneo que nace en la región intermaxilar, progresa por el canal exterior y se prolonga por el borde ventral del cuello. Se relaciona con la capacidad del animal para el intercambio de calor con el medio. Se determina la presencia o ausencia del carácter en el animal y, en su caso, si es de tipo continuo o discontinuo.

Pliegue umbilical: Se trata del pliegue cutáneo en la línea media del vientre. Se relaciona con la capacidad del animal para el intercambio de calor con el medio. Se determina la presencia o ausencia del carácter en el animal. Así las cosas, en el caso del ganado cebuino, además de su giba característica, este tipo de animales presenta grandes pliegues cutáneos a lo largo de la papada y zona ventral del cuerpo, aumentando notablemente su capacidad para intercambio de calor con el medio.

Borla de la cola: Conjunto de pelos o mechones que conforman la parte distal o terminal de la cola. Se determina si es grande, mediana o pequeña.

Tabla 10. Variables fanerópticas en razas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador.

PAIS	RAZA	AÑO	Capa más frecuente	Segundo color capa	Otras capas	Tipo cuernos	Pigmentación mucosas
Ecuador	Pizán	2008	Blanco	Encerado	Pintado	Proceros	Negras
Ecuador	Colorado Lojano	2011	Colorado encendido	Colorado con blanco	Bayo	Proceros	Negras
Ecuador	Encerado Lojano	2011	Marrón claro	Marrón oscuro		Proceros	Negras
Ecuador	Negro lojano	2011	Negro	Negro con blanco		Proceros	Negras
Ecuador	Pintado	2011	Blanco y negro	Blanco, colorado y negro		Proceros	Negras
Ecuador	Patus	2015	Blanco rojo	Negro y Blanco	Bayo y Negro	Proceros	Negras
Ecuador	Holstein	2017	Negro	Blanco/negro		Proceros	Negras
Ecuador	Jersey	2017	Marrón	Castaño		Proceros	Negras
Ecuador	Criolla Cuenca	2017	Pintado o Cajamarca	Encerado		Proceros	Negras
Ecuador	Brown Swiss	2017	Marrón	Gris		Proceros	Negras
Ecuador	Criollo Zamora Chinchipe	2017	Blanco y bayo	Barroso	Colorado	Proceros	Negras
Ecuador	Mestizo criollo Holstein	2018	Negro	Blanco		Proceros	Negras
Ecuador	Mestizo predom. criollo	2018	Negro y blanco	Castaño	Encerado	Proceros	Negras
Ecuador	Criollo Oriental azuay	2018	Blanco y negro	Marrón oscuro		Proceros	Negras

Tabla 11. Variables fanerópticas en razas criollas, exóticas y sintéticas explotadas en Ecuador. Continuación.

PAIS	RAZA	AÑO	Pigmentación pezuñas	Tipo de pelo	Papada	Pliegue umbilical	Borla de la cola
Ecuador	Pizan	2008	Ámbar	Grueso	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Colorado Lojano	2011	Negras	Corto y fino	Discontinua	Ausente	Pequeña
Ecuador	Encerado Lojano	2011	Negras	Corto y fino	Discontinua	Ausente	Pequeña
Ecuador	Negro lojano	2011	Pigmentados	Corto y fino	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Pintado Lojano	2011	Negras	Corto	Reducida	Ausente	Media
Ecuador	Patus	2015	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña
Ecuador	Holstein	2017	Negras	Fino	Reducida	Ausente	Media
Ecuador	Jersey	2017	Negras	Medio	Reducida	Ausente	Media
Ecuador	Criolla Cuenca	2017	Negras	Medio	Reducida	Ausente	Media
Ecuador	Brown Swiss	2017	Negras	Medio	Reducida	Ausente	Media
Ecuador	Criollo Zamora Chinchipe	2017	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Mestizo criollo Holstein	2018	Negras	Medio	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Mestizo predom. criollo	2018	Negras	Medio	Discontinua	Ausente	Media
Ecuador	Criollo Oriental Azuay	2018	Negras	Medio	Discontinua	Ausente	Media

Tabla 12. Variables fanerópticas en razas criollas explotadas en otros países iberoamericanos.

PAIS	RAZA	AÑO	Capa más frecuente	Segundo color capa	Otras capas	Tipo cuernos	Pigmentación mucosas
Colombia	Hartón del Valle	2008	Rojizo	Negro	Amarillo	Opistoreros	Negras y carmelita
Colombia	Casanare	2010	Castaño oscuro	Jabonero	Castaño	Opistoreros	Negras
Colombia	Romosinuano	2010	Bayo	Rojo cereza	Rojo y blanco	Proceros	Claras o negras
Colombia	Costeño con cuernos	2010	Negra	Bayo claro	Bayo oscuro	Proceros	Negras
Colombia	Caqueteño	2010	Bayo	Rojo cereza		Opistoreros	Sonrosada
Colombia	Hartón del valle	2008	Rojizo	Negro	Amarillo	Opistoreros	Negras y carmelita

Tabla 13. Variables fanerópticas en razas criollas explotadas en otros países iberoamericanos. Continuación.

PAIS	RAZA	AÑO	Pigmentación pezuñas	Tipo de pelo	Papada	Pliegue umbilical	Borla de la cola
Colombia	Hartón del Valle	2008	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña
Colombia	Casanare	2010	Negras	Fino	Discontinua	Ausente	Pequeña
Colombia	Romosinuano	2010	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Mediana
Colombia	Costeño con cuernos	2010	Negras	Fino y corto	Discontinua	Ausente	Mediana
Colombia	Caqueteño	2010	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña
Colombia	Hartón del valle	2008	Negras	Corto	Discontinua	Ausente	Pequeña

3.4.5. Análisis comparativos entre poblaciones

Aunque el análisis zoométrico descriptivo ha sido la técnica más ampliamente utilizada para la caracterización racial por múltiples autores a lo largo de la historia, no cabe duda que el análisis de componentes principales resulta útil tanto en la determinación de la relación entre variables biométricas dentro de una población (Goyache et al, 2001) como en la diferenciación de poblaciones (Martínez et al, 2007).

Por su parte, el análisis discriminante canónico es un procedimiento estadístico multivariado que muestra relaciones entre dos o más conjuntos de variables correlacionados al máximo a través de combinaciones lineales que permiten el descubrimiento de gradientes dominantes de variación entre los grupos. La importancia técnica del enfoque discriminatorio canónico para las poblaciones animales no sólo es interesante para la extracción de características, sino también para explicar los complejos mecanismos involucrados en las variaciones morfológicas dentro de las poblaciones. Así las cosas, esta técnica se emplea principalmente para analizar las diferencias multivariadas entre grupos, así como para determinar qué variables son las más útiles para discriminar entre grupos y la determinación de que grupos resultan similares y cuales diferentes.

Como ejemplo, puede citarse la utilización del análisis discriminante para estudios morfométricos comparativos en ganado bovino, concretamente en razas criollas argentinas (Martínez et al, 2007) y razas africanas (N'goran et al, 2018); así como en otras especies como el equino (Sobczuk et al, 2012), ovina (Boaheng y Kofi, 2016), caprina (Vera et al., 2013), porcino (Cabello et al, 2007), perros (González et al., 2014), e incluso patos (Oguntunji et al, 2012) y pavos (Adeyemi et al., 2018). Del mismo modo, se ha utilizado análisis discriminante canónico en caracteres productivos en ganado bovino de tipo cárnico (Piedrafita et al., 2013 y Albertí et al., 2003); y de aptitud láctea (Leota, 2004).

3.4.6.- Caracterización genética

3.4.6.1. Marcadores genéticos

Según la FAO (2010), los estudios de genética molecular han proporcionado nuevas herramientas de gran eficacia, denominadas marcadores moleculares, para estudiar los orígenes de las especies de ganado y determinar la distribución geográfica de su diversidad. Los polimorfismos proteicos fueron los primeros marcadores moleculares que se emplearon en el ganado. Un gran número de estudios, llevados a cabo sobre todo durante la década de los setenta, documentaron la caracterización de los grupos sanguíneos y los sistemas de aloenzimas. Sin embargo, el grado de polimorfismo observado en las proteínas suele ser bajo, lo cual reduce la aplicabilidad general del tipaje de proteínas en los estudios de diversidad. Hoy en día, los polimorfismos basados en el ADN son los marcadores de elección para realizar estudios moleculares sobre la diversidad genética.

Con relación a los marcadores genéticos de ADN más habituales, los polimorfismos por restricción de la longitud de los fragmentos (RFLP) se identifican usando enzimas de restricción que parten el ADN únicamente en «puntos o sitios de restricción» precisos (p. ej., EcoRI corta en el sitio definido por la secuencia palindrómica GAATTC). Actualmente, el uso más frecuente de los RFLP es en combinación con la PCR (PCR-RFLP), para detectar alelos que difieren en secuencia en un sitio de restricción concreto. Primero se amplifica un fragmento de gen con la PCR, y luego se expone a un enzima de restricción específico que corta solamente una de las formas alélicas. Los amplicones digeridos suelen resolverse mediante electroforesis.

Los microsatélites o SSR (Repeticiones de Secuencia Única) o STR (Repeticiones Simples en Tándem) consisten en un tramo de ADN de unos cuantos nucleótidos de longitud – de 2 a 6 pares de bases (bp) – que se repiten varias veces en tándem (p. ej., CACACACACACACA). Están diseminados por todo el genoma de los eucariotas. Los microsatélites son de un tamaño

relativamente pequeño y, por consiguiente, pueden ser fácilmente amplificados con la PCR usando ADN extraído de fuentes diversas, como la sangre, el pelo, la piel, e incluso las heces. Los polimorfismos se pueden visualizar en un gel secuenciador, y la disponibilidad de secuenciadores automáticos de ADN permite un análisis ultrarrápido de un gran número de muestras (Goldstein y Schlötterer, 1999; Jarne y Lagoda, 1996). Los microsatélites son hipervariables; muestran a menudo decenas de alelos en un locus que difieren entre sí en el número de repeticiones. Siguen siendo los marcadores de elección para estudios de diversidad, para análisis de parentesco y para el cartografiado de Loci de Caracteres Cuantitativos (QTL), pero esto podría cambiar en el futuro próximo con el desarrollo de métodos baratos para el análisis de los SNP. La FAO ha publicado recomendaciones para conjuntos de loci de microsatélites a utilizar en estudios de diversidad de las especies agropecuarias más importantes, que fueron desarrollados por el Grupo Asesor sobre Diversidad Genética Animal de la ISAG–FAO (véase la biblioteca DAD-IS en <http://www.fao.org/dad-is/>).

Los minisatélites comparten las mismas características que los microsatélites, pero la longitud de las repeticiones es de entre diez y algunos centenares de pares de bases. Los micro y minisatélites también se denominan polimorfismos VNTR (Número Variable de Repeticiones en Tándem).

Los polimorfismos por ampliación de la longitud del fragmento (AFPL) son una técnica de identificación del ADN que detecta fragmentos de restricción de ADN mediante amplificación con PCR.

Los STS (Sitios con Marca de Secuencia) son secuencias de ADN que solo se dan una vez en un genoma, en una posición conocida. No tienen por qué ser polimórficos y se utilizan para construir mapas físicos.

Los SNP son variaciones en nucleótidos únicos que no cambian la longitud total de la secuencia de ADN en la región. Existen SNP en todo el genoma. Son muy abundantes en el genoma humano, a razón de un SNP por

cada 1000 pares de bases (Sachinandam et al., 2001). La mayoría de SNP se localizan en las regiones no codificantes, y no tienen un impacto directo en el fenotipo de un individuo. No obstante, algunos introducen mutaciones en secuencias expresadas o en regiones que influyen en la expresión génica (promotores, potenciadores), y pueden inducir cambios en la estructura o regulación de las proteínas. Dichos SNP tienen el potencial de detectar la variación genética funcional.

3.4.6.2. Diversidad genética intra-racial

En los estudios de diversidad genética, los marcadores más utilizados son los microsatélites. Son los marcadores más populares en los estudios de caracterización genética del ganado (Sunnucks, 2001). Su alta tasa de mutación y naturaleza codominante permiten la estimación de la diversidad genética dentro y entre razas, así como la mezcla genética entre razas incluso si están estrechamente emparentadas. Hay cierta polémica respecto a la elección de un modelo de mutación –el modelo de alelo continuo o infinito o el modelo de mutación discreto o por pasos (Goldstein et al., 1995)– para el análisis de los datos de microsatélites.

De todos modos, los estudios de simulación han demostrado que el modelo de mutación de alelo infinito suele ser generalmente válido para la evaluación de la diversidad dentro de una especie (Takezaki y Nei, 1996). El número medio de alelos (MNA) por población, y la heterocigosidad observada y esperada (H_o y H_e), son los parámetros más usuales en la evaluación de la diversidad intrarracial.

3.4.6.2.1. Número de alelos por *locus* (N_a):

Se trata de algo tan simple como el recuento de los alelos detectados en cada uno de los *locus* analizados para así poder calcular el promedio. Esta

medida constituye una información de gran utilidad que es complementaria a la que tenemos con el polimorfismo.

De entre los muchísimos valores de este índice que han sido aportados por la comunidad científica en las últimas décadas, resaltamos aquellos obtenidos para las razas criollas iberoamericanas: 4,29 en criollo Uruguayo, según Armstrong *et al.* (2006), así como los valores reportados por Avilés (2012) en el caso de Texas Longhorn (6,85); Criollo Mexicano (9,19); Criollo Colombiano (7,80); Criollo Uruguayo (5,41); Criollo Pilcomayo (7,85); y Criollo Argentino (5,81).

Del mismo modo, algunos resultados en razas autóctonas españolas fueron: Alistana Sanabresa $6,9 \pm 0,8$; Asturiana de la Montaña $6,6 \pm 0,7$; Asturiana de los Valles $7,0 \pm 0,7$; Sayaguesa $6,4 \pm 0,6$; Tudanca $6,8 \pm 0,8$; Avileña Negra-Ibérica $6,9 \pm 0,7$; Bruna del Pirineus $7,1 \pm 0,7$; Morucha $6,9 \pm 0,7$; Pirenaica $5,8 \pm 0,4$; y Retinta $6,8 \pm 0,6$, según Cañón *et al.* (2001), o bien en las razas Marismeña (8,74); Berrenda en Colorado (7,38); Berrenda en Negro (4,89); Pajuna (7,16); Retinta (6,07); Negra Andaluza (5,96); Vaca Canaria (7,04) y Vaca Palmera (5,07), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de 9,8 en la raza de Lidia (Cortés, 2008).

Por su parte, en razas autóctona portuguesas: Alentejana $5,8 \pm 0,5$; Barrosã $6,7 \pm 0,6$; Maronesa $6,1 \pm 0,6$; Mertolenga $5,9 \pm 0,5$; y Mirandesa $5,5 \pm 0,4$ (Cañón *et al.*, 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac $6,2 \pm 0,6$; Gasconne $7,2 \pm 0,6$; y Salers $6,1 \pm 0,6$; así como Dalvit *et al.* (2008) en razas italianas (8,2); y Brenneman *et al.* (2007) en la raza sintética Senepol (6,6). Finalmente, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (5,41) y Hereford (4,85).

3.4.6.2.2. Número efectivo de alelos (N_e):

El número efectivo de alelos (NEA) se define como la probabilidad de que dos alelos de un locus elegido al azar en la población sean idénticos por descendencia, siendo su valor igual al inverso de la frecuencia esperada de individuos homocigotos en la población (Kimura y Crow, 1964).

3.4.6.2.3. Frecuencias Alélicas:

A la hora de abordar el cálculo de las frecuencias, éste se hace atendiendo al recuento de alelos presentes, como el cociente obtenido del número de alelos iguales en una población dividido entre el número total de alelos. En cualquier caso, se asume que la observación de un solo alelo se corresponde con la condición de homocigosis y por lo tanto que no hay alelos nulos, así como tampoco alelos no amplificados.

3.4.6.2.4 Heterocigosis:

Se entiende por Heterocigosis aquella proporción o frecuencia promedio de individuos de una población que ostentan dos alelos diferentes en un *locus* concreto. De dicho concepto se segregan dos variantes claramente diferenciadas: Heterocigosis observada (H_o) y esperada (H_e). Así las cosas, la Heterocigosis observada (H_o) se obtiene dividiendo el número de individuos heterocigotos para cada *locus* por el total de individuos analizados. La H_o media para varios *loci* es una buena medida del grado de variación genética. Por su parte, la Heterocigosis esperada (H_e) es la probabilidad que dos alelos seleccionados aleatoriamente sean diferentes entre sí en una población en estado de equilibrio. La H_e se considera la medida más apropiada de la variación genética, conociéndose como índice de diversidad genética de Nei (Nei, 1977; Nei, 1987).

En el caso de razas criollas iberoamericanas, Avilés (2012) reportó datos de Ho en Texas Longhorn (0,6645); Criollo Mexicano (0,6951); Criollo Colombiano (0,7135); Criollo Uruguayo (0,6467); Criollo Pilcomayo (0,7412); Criollo Argentino (0,6685). De la misma forma, se han reportado una gran diversidad de valores de este índice en razas autóctonas españolas, pudiendo resaltar los valores siguientes: Alistana Sanabresa $0,629 \pm 0,032$; Asturiana de la Montaña $0,652 \pm 0,037$; Asturiana de los Valles $0,656 \pm 0,045$; Sayaguesa $0,654 \pm 0,031$; Tudanca $0,596 \pm 0,040$; Avileña Negra-Ibérica $0,589 \pm 0,043$; Bruna del Pirineus $0,619 \pm 0,033$; Morucha $0,640 \pm 0,036$; Pirenaica $0,543 \pm 0,052$; y Retinta $0,614 \pm 0,040$, según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña (0,6921); Berrenda en Colorado (0,6897); Berrenda en Negro (0,5524); Pajuna (0,6812); Retinta (0,7100); Negra Andaluza (0,6323); Vaca Canaria (0,6662); y Vaca Palmera (0,5909), según Avilés (2012). Del mismo modo, se obtuvieron valores de 0,52 en la raza de Lidia (Cortés, 2008).

Por su parte, al considerar poblaciones bovinas geográfica e históricamente próximas a las razas españolas, los datos obtenidos en razas autóctonas portuguesas fueron: Alentejana $0,622 \pm 0,054$; Barrosã $0,716 \pm 0,037$; Maronesa $0,635 \pm 0,045$; Mertolenga $0,626 \pm 0,039$; y Mirandesa $0,625 \pm 0,037$ (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac $0,569 \pm 0,043$; Gasconne $0,630 \pm 0,039$; y Salers $0,580 \pm 0,046$; Por último, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona (0,6726) y Hereford (0,6563).

Respecto a los valores de He, de nuevo mencionamos la recopilación de Avilés (2012) en razas criollas iberoamericanas, resultando: Texas Longhorn (0,7067); Criollo Mexicano (0,7639); Criollo Colombiano (0,7521); Criollo Uruguayo (0,6642); Criollo Pilcomayo (0,7635); Criollo Argentino (0,6609). En ese mismo sentido, al considerar las razas autóctonas españolas encontramos los siguientes valores: Alistana Sanabresa $0,681 \pm 0,027$; Asturiana de la Montaña $0,705 \pm 0,034$; Asturiana de los Valles $0,683 \pm 0,042$; Sayaguesa $0,707 \pm 0,028$; Tudanca $0,651 \pm 0,036$; Avileña Negra-Ibérica $0,692 \pm 0,034$; Bruna

del Pirineus $0,672 \pm 0,030$; Morucha $0,709 \pm 0,039$; Pirenaica $0,628 \pm 0,037$; y Retinta $0,693 \pm 0,033$, según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Marismeña ($0,7207$); Berrenda en Colorado ($0,7494$); Berrenda en Negro ($0,6113$); Pajuna ($0,7160$); Retinta ($0,7268$); Negra Andaluza ($0,6844$); Vaca Canaria ($0,7042$) y Vaca Palmera ($0,5727$), según Avilés (2012). De la misma manera, se encuentran valores de $0,72$ en la raza de Lidia (Cortés, 2008).

Del mismo modo a lo expuesto anteriormente, al considerar las razas autóctonas portuguesas por su cercanía al patrimonio ganadero español, los valores encontrados fueron: Alentejana $0,655 \pm 0,052$; Barrosã $0,708 \pm 0,039$; Maronesa $0,664 \pm 0,041$; Mertolenga $0,671 \pm 0,035$; y Mirandesa $0,635 \pm 0,026$ (Cañón et al., 2001). Igualmente, estos mismos autores encontraron otros valores en razas francesas: Aubrac $0,611 \pm 0,036$; Gasconne $0,708 \pm 0,023$; y Salers $0,631 \pm 0,036$; Finalmente, Avilés (2012) también menciona datos en razas cosmopolitas: Frisona ($0,6912$); y Hereford ($0,6748$).

3.4.6.2.5. Contenido de Información Polimórfica (PIC):

El Contenido de Información Polimórfica, más conocido como PIC, es uno de los parámetros más frecuentemente empleados para medir el poder discriminatorio de los loci. Con carácter general, el criterio mas utilizado es que un *locus* se considera polimórfico si el alelo más común presenta una frecuencia menor al 99% en la población que se encuentra bajo estudio (Shete et al., 2000), por cuanto cada uno de ellos debe contar al menos con dos alelos. El valor de PIC siempre oscila entre 0 y 1, si bien existen varias ecuaciones matemáticas que lo definen. El cualquier caso, la fórmula habitualmente utilizada es la de Botstein et al. (1980). Con dicho índice es posible determinar si un marcador es o no informativo, considerando los valores de PIC superiores a $0,5$ como altamente informativos, mientras que los valores comprendidos entre $0,25$ y $0,5$ resultan medianamente informativos y,

finalmente, se catalogan como poco o muy poco informativos los valores inferiores a 0,25.

3.4.6.2.6. Equilibrio Hardy-Weinberg:

Con carácter general, en ausencia de los fenómenos de mutación, migración y selección en una población, las frecuencias alélicas y genotípicas no varían de generación en generación si se trata de una población infinita donde los cruzamientos se producen de manera aleatoria. Por tanto, se considera que una población, donde se cumplen los preceptos anteriormente referidos, se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg (Hardy, 1908).

El procedimiento de cálculo más habitual para conocer si existen desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg es la comparación de genotipos observados respecto a los esperados dentro de una muestra. Para ello se emplea la prueba Chi-cuadrado (X^2) con el fin de evidenciar la discordancia de las frecuencias genotípicas para cada combinación *locus*/población. No obstante, actualmente se usan métodos como el de Monte Carlo que unen alelos aleatoriamente en genotipos, repitiendo esta operación por ejemplo 1000 veces, con lo que se produce una serie de nuevas poblaciones que son evaluadas para el HWE haciendo una prueba de Chi-cuadrado (X^2). Por ejemplo, con el programa informático Genepop (Raymond and Rousset, 1995) si hay más de cuatro alelos se utiliza la estimación no sesgada (Guo and Thompson, 1992).

El equilibrio Hardy-Weinberg es una condición previa en el estudio de la estructura genética de poblaciones, como el caso de los métodos basados en modelos Bayesianos en los que se requiere que la población esté en equilibrio. Bajo esta suposición, cada alelo de cada *locus* en cada genotipo es una muestra independiente; la idea es asignar, en la medida de lo posible, cada individuo a su grupo (Pritchard *et al.*, 2000).

3.4.6.2.7. Estadísticos F de Wright:

La distribución de la variabilidad genética de una población se puede analizar mediante el cálculo de los estadísticos F de Wright (1965), posteriormente revisados por (Chakraborty y Danker-Hopfe, 1991). Existe una relación sencilla entre ellos, de manera que: $1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) - (1 - F_{ST})$.

El estadístico F_{IS} mide el parecido entre los dos alelos de un gen de un individuo y es una medida del grado de endogamia en una población al interpretarse como la probabilidad de que los dos alelos de un mismo gen sean idénticos. El estadístico F_{IS} es la correlación entre dos alelos, relativa a la subpoblación o el exceso o déficit de heterocigotos que podría darse entre individuos de la misma subpoblación y este parámetro puede variar entre -1 a 1. Valores negativos de F_{IS} indican exceso de heterocigotos en la población respecto a las proporciones esperadas de equilibrio de Hardy-Weinberg y valores positivos indican el efecto contrario.

El parámetro F_{IT} mide la desviación de las frecuencias esperadas de heterocigotos respecto de las observadas del conjunto de la población. Los parámetros F_{IS} y F_{IT} toman valores positivos cuando hay un déficit de heterocigotos y valores negativos cuando hay un exceso de heterocigotos. El estadístico F_{IT} es la correlación relativa a la población total o índice de fijación de los individuos respecto al total de la población, o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en la población total respecto a las esperadas considerando que existe equilibrio Hardy-Weinberg. Si la población total se encuentra en panmixia (individuos con igual probabilidad de cruzarse) el valor sería 0.

El estadístico F_{ST} mide el parecido entre los individuos de una población explicando el porcentaje de variabilidad genética que se debe a la existencia de una estructura en subpoblaciones o variedades. Asume que la deriva genética es la fuerza predominante en la diferenciación de poblaciones. El estadístico F_{ST} es la correlación entre dos alelos tomando al azar uno de cada

subpoblación. Ha sido interpretado como el grado de diferenciación genética o flujo genético entre las poblaciones denominándose, índice de diferenciación genética y su valor varía de 0 a 1 y a diferencia del F_{IS} y el F_{IT} , no puede ser un valor negativo (Nei, 1973). Un valor de cero indica que las frecuencias alélicas son iguales en las poblaciones analizadas y, por el contrario, un valor de 1 demuestra que las frecuencias alélicas están fijadas y son diferentes en las poblaciones. Valores de 0,00 y 0,05 se consideran bajos, 0,05 y 0,15 indican diferenciación genética moderada y un rango de 0,15 y 0,25 señalan que la diferenciación es alta y valores superiores a 0,25 la diferenciación es muy alta (Wright, 1965).

Finalmente, las tablas 14 a 16 muestran, a modo de compendio, los valores medios para H_e , H_o , NMA, PIC, F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} en distintas razas bovinas criollas ecuatorianas y otras iberoamericanas, así como autóctonas españolas.

Tabla 14. Principales variables de diversidad genética en razas criollas ecuatorianas y autóctonas españolas.

PAIS	RAZA	AÑO	He	Ho	NMA	PIC	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Ecuador	Negro lojano	2011	0,73	0,67	6,43	0,67	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Encerado	2011	0,74	0,68	6,11	0,68	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Colorados	2011	0,73	0,63	5,43	0,65	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Pintado	2011	0,76	0,73	5,25	0,67	0,09	0,089	0,0008
Ecuador	Macabea	2014	0,73	0,72	7,25	0,71	-0,0097	0,11	0,07
España	Marismeña	2005	0,62	0,61	6,7	0,66			
España	Berrenda en Colorado	2007	0,71	0,7	6,9	0,77	0,087	0,07	0,009
España	Berrenda en Negro	2007	0,72	0,72	7,74	0,74	0,057	0,07	0,009
España	Lidia	2008	0,72	0,52	3,8	0,68	0,009	0,26	0,20

Tabla 15. Principales variables de diversidad genética en razas criollas colombianas.

PAIS	RAZA	AÑO	He	Ho	NMA	PIC	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Colombia	Hartón del valle	2008	0,79	0,66	9,46	0,79	0,16	0,18	0,049
Colombia	Casanare	2010	0,76	0,63	7,22	0,76	0,2	0,1	0,03
Colombia	Caqueteño	2010	0,77	0,66	9,21	0,73	0,14	0,44	0,16
Colombia	Costeño con cuerno	2010	0,84	0,56	5		0,32		
Colombia	Blanco Orejinegro	2010	0,72	0,62	6,6	0,6	0,15	0,238	0,106
Colombia	San Martinero	2010	0,73	0,73	5		0,07		
Colombia	Romosinuano	2010	0,67	0,54	7,6	0,8	0,27	0,37	0,14
Colombia	Cebuina Colombiana	2010	0,76	0,59	7,6	0,97	0,22	0,37	0,069

Tabla 16. Principales variables de diversidad genética en otras razas bovinas criollas iberoamericanas.

PAIS	RAZA	AÑO	He	Ho	NMA	PIC	<i>F_{IS}</i>	<i>F_{IT}</i>	<i>F_{ST}</i>
Venezuela	Limonero	2007	0,69	0,6	8,14	0,65	0,12	0,13	0,009
México	Criollo mexicano	2007	0,76	0,74	7,29	0,74	0,076	0,107	0,033
Perú	Criollo Peruano	2008	0,7	0,68	5	0,7			0,024
Argentina	Patagónico Argentino	2008	0,61	0,57	5,04	0,56	0,066	0,13	0,11
Panamá	Guaymí	2010	0,65	0,63	7,5	0,61	0,033	0,18	0,09
Panamá	Guabalá	2010	0,72	0,71	5,6	0,69	0,053	0,13	0,07
México	Criollo lechero tropical	2012	0,7	0,63	7,75	0,66	0,059	0,178	0,126
Venezuela	Carora	2014	0,66	0,65	4,6	0,61	-0,13	0,12	0,009
Costa Rica	Supobl. Costa Rica	2015	0,78	0,77	10,3	0,76	0,02	0,05	0,03

3.4.6.3. Diversidad genética inter-racial

Los parámetros más simples para evaluar la diversidad interracial son los índices de diferenciación genética o de fijación. En este sentido, aunque se han propuesto varios estimadores (F_{ST} y G_{ST}), el más ampliamente utilizado es F_{ST} (Weir y Basten, 1990), el cual mide el grado de diferenciación genética de las subpoblaciones calculando las varianzas estandarizadas de frecuencias alélicas entre poblaciones. Se puede calcular la significación estadística para los valores de F_{ST} entre pares de poblaciones (Weir y Cockerham, 1984) para comprobar la hipótesis nula de una falta de diferenciación genética entre poblaciones, y, por tanto, la división de la diversidad genética. Puede realizarse un análisis jerárquico de la varianza molecular (AMOVA) (Excoffier et al., 1992) para evaluar la distribución de diversidad dentro y entre grupos de razas.

3.4.6.3.1.- Análisis multidimensionales

El Análisis Factorial de correspondencia es el equivalente del procedimiento de Componentes Principales para variables cualitativas, el cual intenta explicar una variable hipotética (factor) por medio de un modelo lineal en el que el factor (o varios factores) es función de un conjunto extenso de variables observables. Es una técnica descriptiva para representar tablas de contingencia, es decir, tablas en donde se recoge la frecuencia de aparición de dos o más variables cualitativas en un conjunto de elementos.

El Análisis Factorial de correspondencia (AFC) tiene como objetivo encontrar una estructura más simple reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información. Para simplificar el análisis de los datos se reduce el número de variables a un pequeño número de índices o factores. Algunas diferencias entre estas dos técnicas son que los componentes principales están definidas como una combinación lineal de las variables originales y no están basadas en un modelo estadístico particular y por lo tanto no se requiere el cumplimiento de supuestos previos. El AFC se centra en el

estudio en las relaciones entre las variables explicadas con las covarianzas o correlaciones. El AFC resulta apropiado cuando el objetivo consiste en encontrar un grupo de variables similares, altamente correlacionadas, y postular que esas similitudes provienen del hecho de que éstas son variables «latentes o factores» que actúan en forma particular sobre el proceso estudiado.

El AFC es un tipo de análisis canónico particularmente bien adaptado para describir las asociaciones entre dos variables cualitativas, es decir, el análisis de una tabla de contingencia que cruza las modalidades de dos variables (Belkhir et al., 2003). Por consiguiente, las propiedades de este método se han venido a utilizar sobre tablas (gráficas). Se habla entonces de análisis de las correspondencias múltiples (ACM) en el cual cada individuo presenta normalmente el valor 1 una vez solamente para una única modalidad para cada variable (cuadro disyuntivo completo).

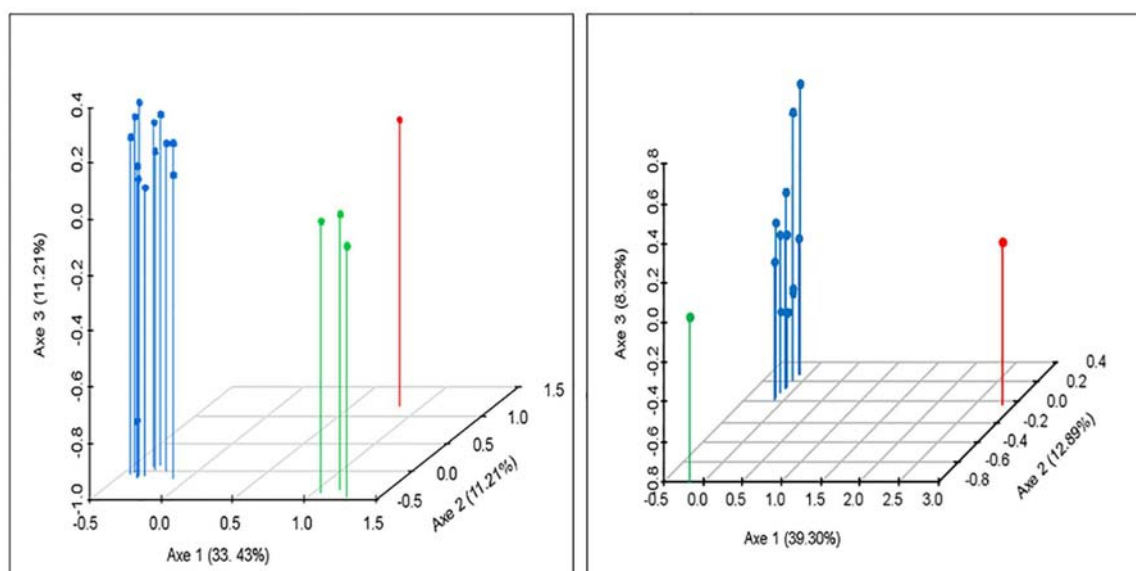


Figura 11. Ejemplo de Análisis Factorial de Correspondencia en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).

Con el programa computacional Genetix v.4.05 (Belkhir et al., 2003), se elabora un cuadro 0/1/2 que corresponde a una codificación más conveniente a los datos de la genética de los organismos diploides tal como fue propuesto por (She et al., 1987). Concretamente, los objetos analizados se ven como una nube de puntos en un hiperespacio que tiene tantas dimensiones como alelos. El algoritmo busca las direcciones independientes, en este hiperespacio la longitud de las cuales la inercia -tamaño que, por analogía con la física, representa la integral de la masa (aquí por ej. el número de individuos en un punto del hiperespacio) multiplicada por el cuadrado de la distancia en el centro de los datos del hiperespacio (aún llamado centro de gravedad) es máxima. Estas direcciones, que son definidas por los vectores propios de la matriz, determinan una serie de ejes factoriales. Por convenio, el primer eje es el que tiene la más fuerte contribución a la inercia total. Para utilizar los datos genotípicos individuales, cada individuo está representado por su resultado para cada modalidad de cada variable (los alelos de distintos locus), lo que representa 0 para la ausencia, 1 para la presencia del alelo en el estado heterocigoto y 2 para el estado homocigoto. En otras palabras, el análisis de correspondencia puede condensar la información de un gran número de alelos y *loci* en pocas variables sintéticas. Con este método las frecuencias alélicas de las poblaciones en todos los *loci*, se usan como y el cluster de cada población se representa gráficamente (Li et al., 2005).

3.4.6.3.2. Distancias genéticas

Habitualmente, los microsatélites se usan también para evaluar relaciones genéticas entre poblaciones e individuos mediante el cálculo de las distancias genéticas (p. ej., Beja-Pereira et al., 2003; Joshi et al., 2004; Ibeagha-Awemu et al., 2005; Sodhi et al., 2005; Tapio et al., 2005). Las distancias genéticas ayudan a entender las relaciones evolutivas entre poblaciones. La teoría matemática base de los programas, incluye aspectos gráficos, combinatorios, cadenas de Markov junto con estadísticos (de máxima

verosimilitud y remuestreo), investigación de operaciones (optimización, investigación heurística) y ciencias de la computación. Afortunadamente, los conceptos son simples aun cuando el proceso matemático es complejo. Los resultados se presentan como una matriz de valores entre cada población.

La medida más habitual de la distancia genética es la distancia genética estándar de Nei (D_S) (Nei, 1973). Sin embargo, para poblaciones estrechamente emparentadas, en las que la deriva genética es el principal factor de diferenciación genética, como suele ocurrir en las razas agropecuarias, particularmente en el mundo en desarrollo, se recomienda la distancia Cavalli-Sforza modificada (D_A) (Nei et al., 1983).

3.4.6.3.3. Árboles filogenéticos o estudios de vecindad.

Los análisis filogenéticos, árboles filogenéticos o evolutivos son estructuras básicas que permiten identificar las diferencias entre poblaciones y poder analizarlas desde el punto de vista estadístico. Existen varios métodos estadísticos usados para la construcción de los árboles filogenéticos de datos moleculares. Los más comúnmente usados son los métodos de distancia, los de máxima parsimonia y los de verosimilitud.

Se suele visualizar la relación genética entre razas mediante la reconstrucción de una filogenia, utilizando habitualmente el método de adyacencia (NJ) (Saitou y Nei, 1987). No obstante, un inconveniente importante de la reconstrucción de árboles filogenéticos es que presupone que la evolución de los linajes no es reticular, es decir, que los linajes pueden divergir, pero nunca ser resultado de cruces entre linajes. Este supuesto rara vez es aplicable al ganado, ya que a menudo las nuevas razas se originan por cruce entre dos o más razas ancestrales. La visualización de la evolución de las razas obtenida por reconstrucción filogenética debe interpretarse siempre con cautela.

El Método Neighbor-Joining (NJ), desarrollado por Saitou y Nei (1987), es una técnica muy eficiente, que está basada en el principio de mínima evolución. Este método no examina todas las posibles topologías, pero utiliza el principio de mínima evolución en cada grupo de poblaciones. Uno de los conceptos más importantes de este método es el de “vecino”, el cual se define como dos poblaciones que están conectadas por un nodo en un árbol sin raíz, es decir, los pares más próximos o “*vecinos*” de poblaciones o grupos de poblaciones (unidades taxonómicas), de forma que se minimice la longitud total de un árbol. Un par de vecinos son dos unidades conectadas por un simple nodo en un árbol sin raíz y con dos ramas que se unen en un nodo interior. En general, es posible definir la topología de un árbol por la unión sucesiva de pares de vecinos para formar nuevos pares de vecinos. Al principio, se obtiene una figura como una estrella en la que todas las ramas parten del mismo punto. Así las cosas, se consideran vecinos al par de grupos que, cuando se juntan, producen el árbol cuya longitud total es la más corta, y éstos se unen para formar una unidad combinada. El procedimiento para identificar los vecinos entre un número reducido de unidades es repetido hasta que sólo quedan tres unidades.

Por otro lado, estos mismos autores defienden que con la utilización de esta metodología se obtiene el árbol correcto para datos puramente aditivos, donde la distancia entre cada par de unidades (unidades taxonómicas) es la suma de las longitudes de las ramas que las unen en el árbol. Estudios de simulación sugieren que este es el mejor método de los de matriz de distancia. En el caso aditivo el NJ sería el árbol de mínima evolución, es decir, que la suma de las desviaciones entre las distancias de pares de taxas y las longitudes de cada paso del árbol es mínima. Se elige la matriz de distancias DA para construir un árbol filogenético basado en el algoritmo Neighbour-Joining. Este método ha demostrado ser el más eficiente en la práctica cuando no todos los supuestos estadísticos se cumplen (Takahashi y Nei, 2000; Tatenó et al., 1994).

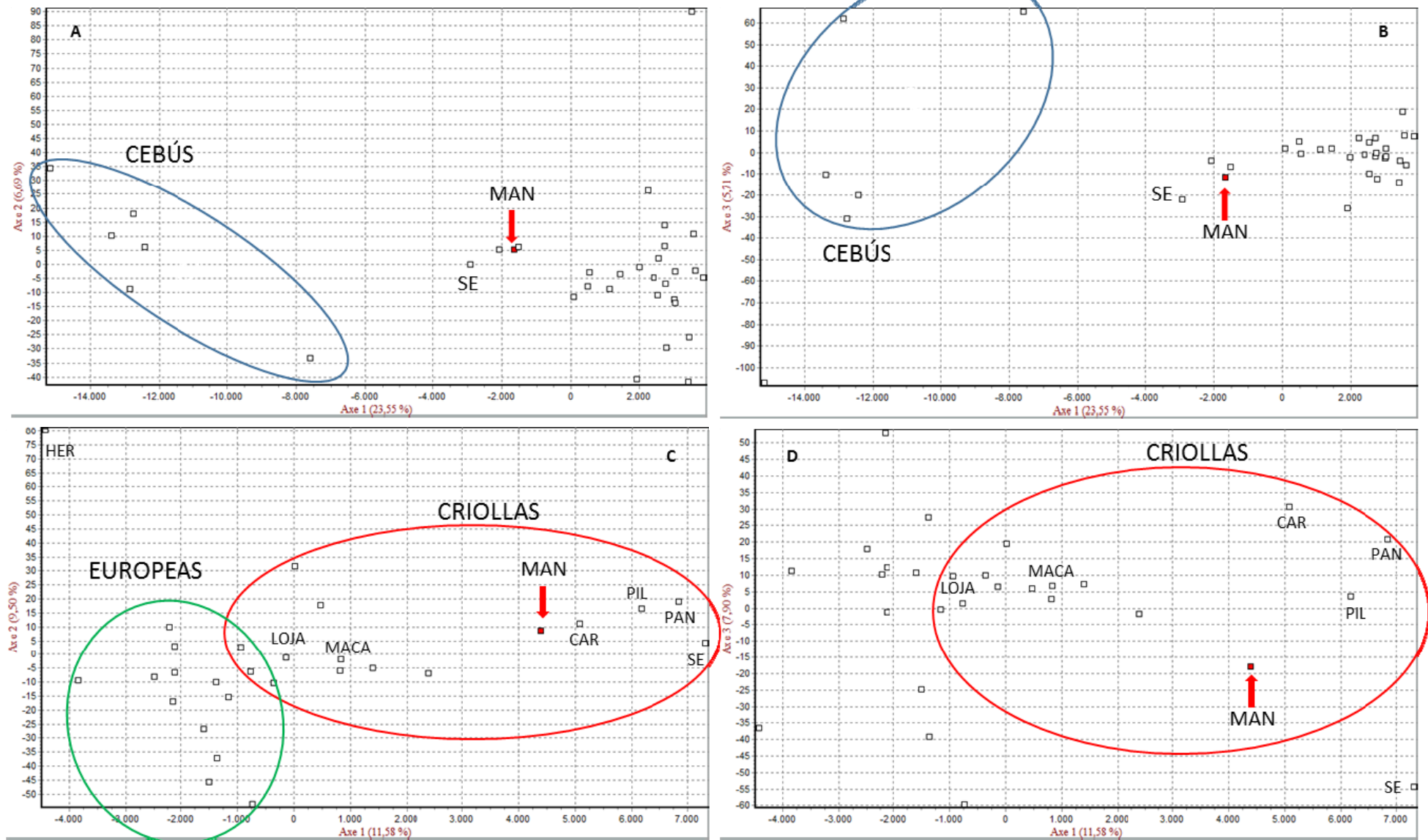


Figura 12. Análisis Factorial de Correspondencia entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas. Tomado de Cevallos, (2017).

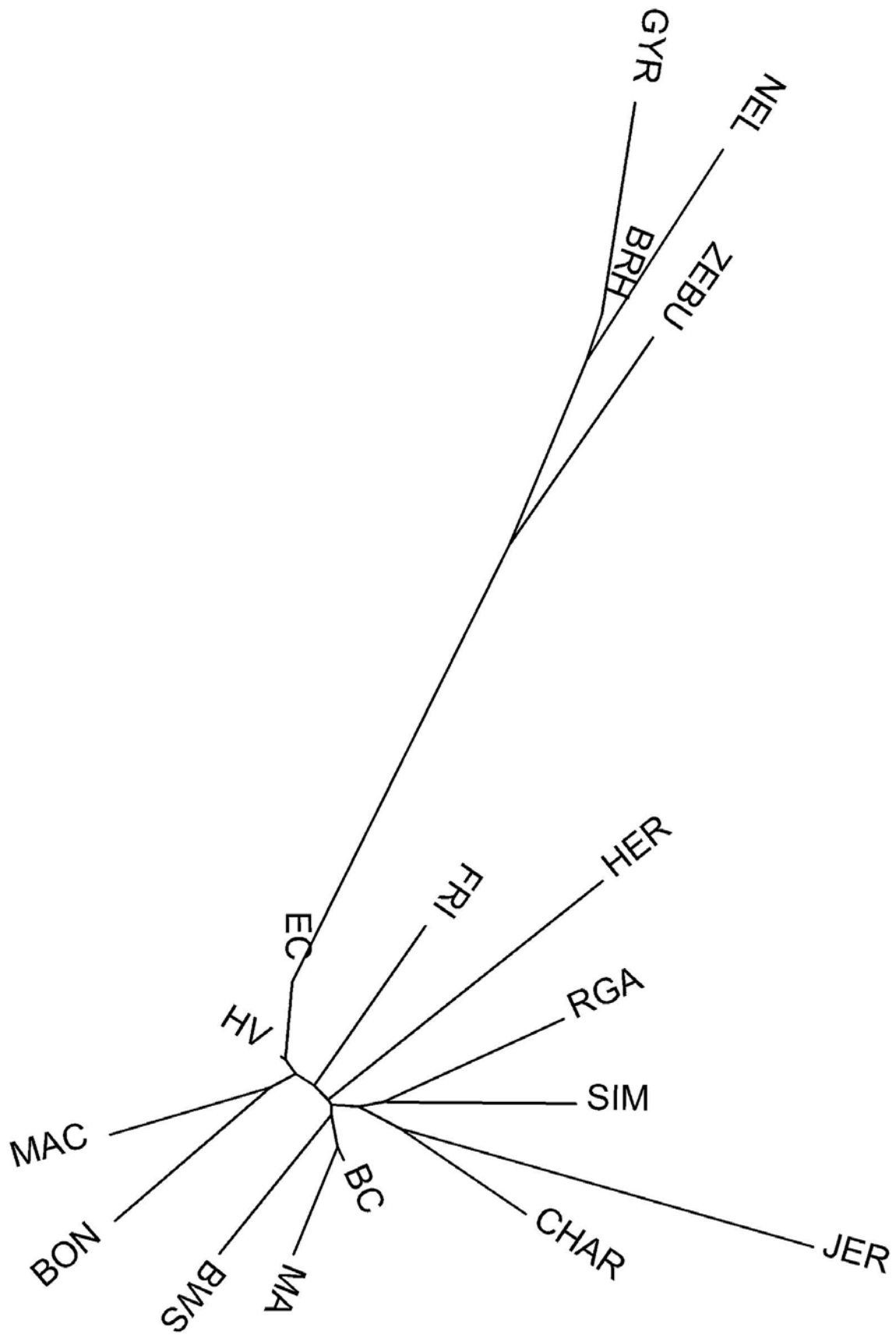


Figura 13. Ejemplo de árbol filogenético en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE).

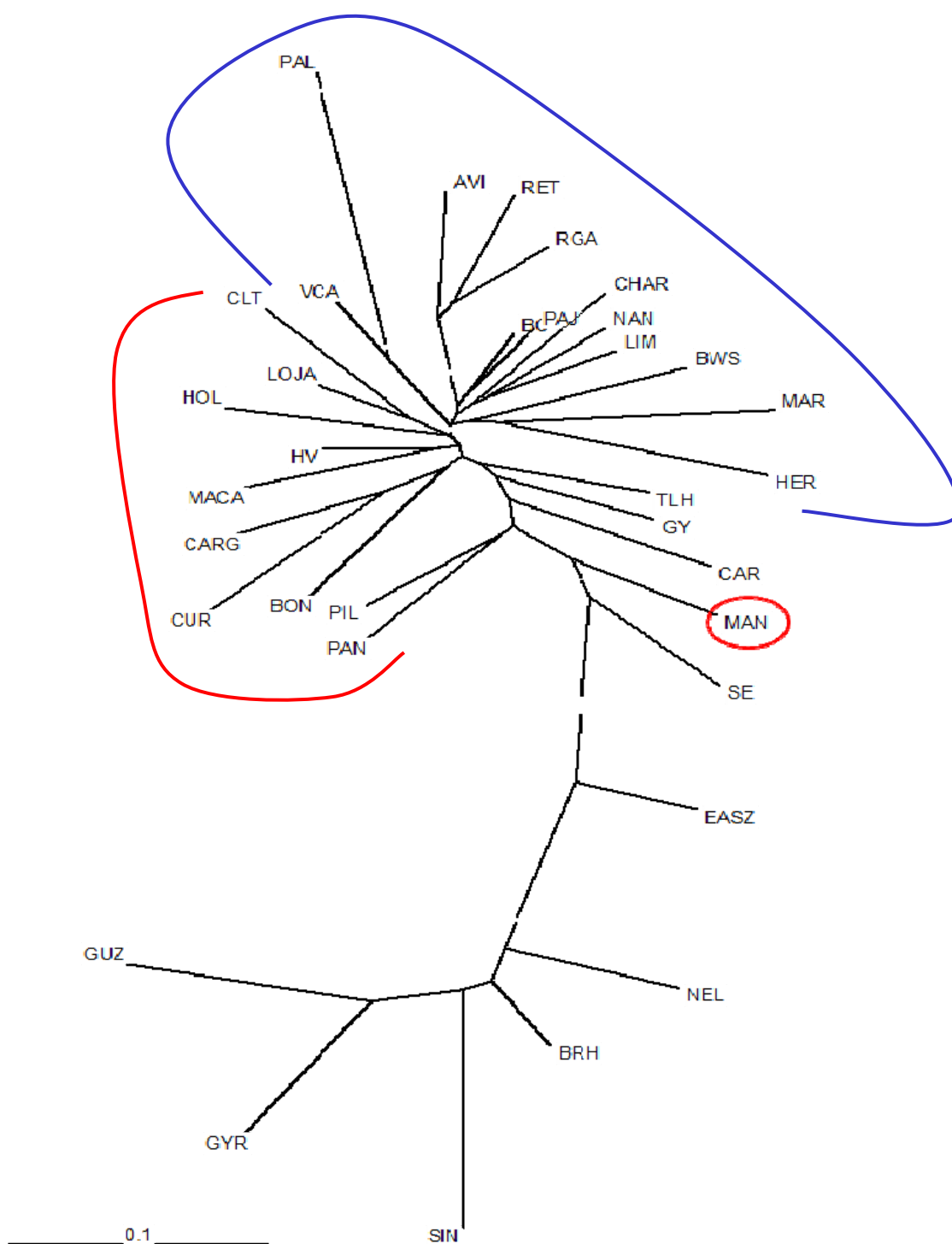


Figura 14.- Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas D_A entre el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 poblaciones bovinas analizadas.

3.4.6.3.4. Estructura genética

Aunque existen distintos métodos para la correcta asignación de individuos a poblaciones (Cornuet et al., 1999; Falush et al., 2003; Paetkau et al., 1995; Paetkau et al., 2004; Pritchard et al., 2000; Rannala y Mountain, 1997), son dos las principales tipologías: a) Métodos basados en distancia genética; y b) Métodos basados en modelos probabilísticos.

Así las cosas, los métodos basados en distancias genéticas se fundamentan en el cálculo de la matriz de distancia entre cada par de individuos y se representa entonces de forma gráfica en forma de árbol y los clusters son identificados de manera visual. Los métodos basados en modelos probabilísticos asumen que cada cluster es tomado de algún modelo paramétrico, se infieren los parámetros de cada cluster y entonces se hace la inferencia del cluster de cada individuo. Los inconvenientes de estos métodos, son que suponen que las frecuencias alélicas se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg y que el ligamiento entre alelos también lo está; en un momento dado se deben corroborar estos supuestos.

En primera instancia, se consideran datos de un genotipo multilocus de individuos muestreados, colectados de una población con estructura desconocida. Pritchard et al. (2000) introdujeron un método para identificar poblaciones diferentes; donde posteriormente se estudia la ascendencia de los individuos muestreados. Se tienen en cuenta dos modelos para la ascendencia de los individuos, el primero de ellos, un modelo no-combinado, en el que se asume que los individuos son tomados de forma pura de una de las k poblaciones y el modelo combinado, en el que se permite la mezcla de los ancestros; es decir, una fracción q_k del genoma de un individuo viene de la subpoblación K . En ambos modelos se supone que no existe ligamiento entre ellos y que proporcionan información independiente de los ancestros de los individuos en cuestión.

Por otra parte, Falush et al. (2003) introdujeron un modelo en el que se acepta ligamiento entre los marcadores, el cual se incluye en el modelo combinado, para explicar la correlación entre los marcadores ligados. Este modelo permite la estimación del origen de la región del cromosoma dentro del individuo y proporciona una mejor resolución en el estudio del proceso histórico de la muestra. Estos modelos están disponibles en el programa Structure v 2.0 disponible en: <http://pritch.bsd.uchicago.edu>.

Los supuestos principales para estos modelos son que las frecuencias génicas están en equilibrio en el ligamiento y que existe equilibrio Hardy-Weinberg dentro de las poblaciones, por tanto, la similitud del genotipo del individuo i está condicionada por las frecuencias alélicas de su población de origen (Z_i). Q es el vector multidimensional de la proporción de los ancestros para todos los miembros de la muestra. El valor de a representa el valor relativo de la población K al material genético de la muestra; cuando los valores de a son mayores a 1, cada individuo está tomando copias de alelos de las K poblaciones en igual proporción. Para valores pequeños de a (<1), cada individuo se origina sobre todo en una población, con cada una siendo igualmente probable. Conforme a tiende a 0, el modelo se va haciendo similar al no combinado.

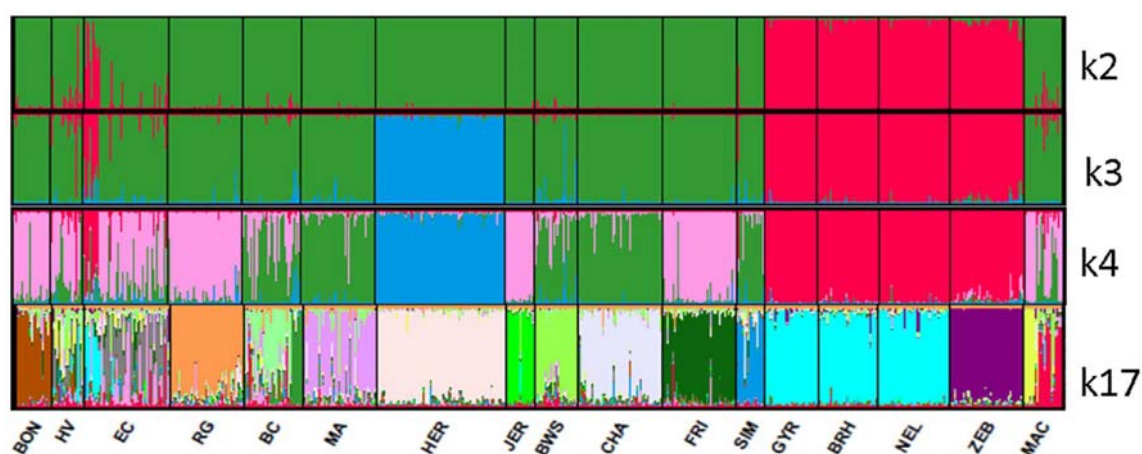
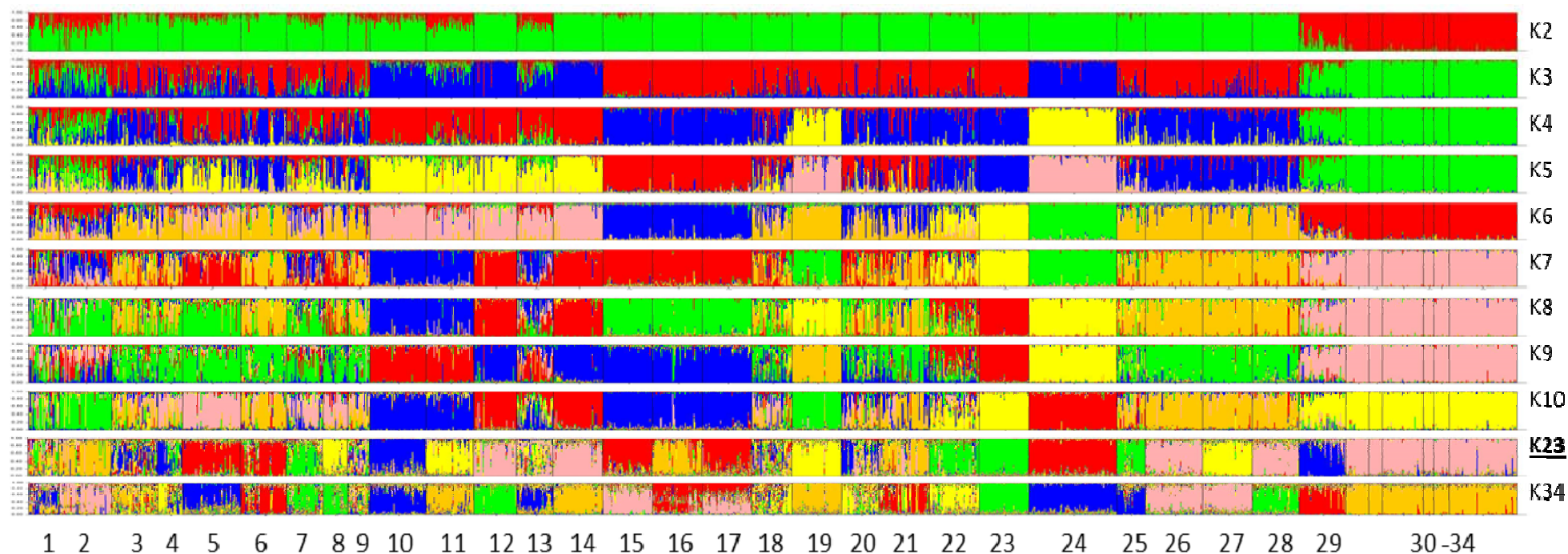


Figura 15. Ejemplo de análisis de subestructura genética en el estudio de la raza Macabea en comparación con otras razas bovinas. Tomado de Vargas et al., 2016 (PLOS ONE)



1: MAN, 2: SE, 3: LOJA, 4: MACA, 5: TLH, 6: CLT, 7: GY, 8: BON, 9: HV, 10: CAR, 11: PAN, 12: CUR, 13: PIL, 14: CARG, 15: RET, 16: AVI, 17: RGA, 18: BC, 19: MAR, 20: PAJ, 21: NAN, 22: VCA, 23: PAL, 24: HER, 25: BWS, 26: CHAR, 27: HOL, 28: LIM, 29: EASZ, 30: GYR, 31: BRH, 32: SIN, 33: GUZ, 34: NEL

Figura 16.- Estructura genética el Ganado Criollo de Manabí y otras 33 razas bovinas analizadas. Tomado de Cevallos (2017)

4.- MATERIAL Y MÉTODOS

4.1.- Población y recopilación de información

El área de estudio fue la provincia de Santa Elena, compuesta por 3 cantones: La Libertad, Salinas y Santa Elena, y que se ubica en la costa ecuatoriana. Cuenta con una superficie de 3.762.8 km², siendo su ubicación geográfica: 02° 13' 36" de latitud Sur y 80° 51'30" de longitud Oeste, con una altura promedio de 800 m.s.n.m. El clima de Santa Elena es seco tropical, diferenciándose dos estaciones, la de invierno, comprendida de diciembre a mayo, donde se concentra la mayor parte de las precipitaciones anuales, las cuales oscilan entre 125 a 150 mm, con extremos comprendidos entre 80 y 500 mm; y la estación de verano, de junio a noviembre, con muy escasas precipitaciones. El mes más lluvioso suele ser marzo, mientras que en noviembre nunca suele haber precipitaciones. La temperatura media anual se sitúa en torno a 25-26°C en invierno y de 20-21°C en verano. La humedad relativa ronda el 80% y la heliofania en torno a 998 horas/ luz año. Por tanto, esta provincia constituye una extensa área caracterizada por su sequedad y por una vegetación especial.

La mayor parte de la ganadería de la provincia se concentra en los cantones Santa Elena y Libertad, demarcaciones geográficas donde se localiza el criollo de la Península o criollo de la Península de Santa Elena (DADIS, 2018), en adelante GCSE, disponiendo de un censo aproximado de 5.077 cabezas distribuidas en las en las diferentes comunidades. Cabe destacar la inexistencia de asociaciones de ganaderos, así como de registros genealógicos y productivos de los animales.

4.2.- Muestra

4.2.1.- Procedimiento.

Habiendo tenido en cuenta los protocolos de la FAO (Piling, 2010; FAO, 2012), así como las experiencias previas de equipo de investigación AGR-267 de la Universidad de Córdoba (España), se consultó a los criadores de la provincia sobre las explotaciones de ganado bovino que consideraban más ajustadas a la tipología tradicional de animales criollos característicos de la provincia de Santa Elena, con la finalidad de someter a dichas explotaciones a la recogida de información y medición de los animales. Tras la selección de explotaciones, se eligieron al azar entre 3 y 6 animales adultos por ganadería de GCSE, en función de por explotación, en función de una dimensión menor o mayor a 20 hembras reproductoras por unidad de producción, respectivamente. Se utilizó una muestra de 217 animales, de los cuales 198 fueron hembras y 19 machos.

4.2.2.- Muestreo para las variables de caracterización zoométrica, morfológica y faneróptica

En la Tabla 17, se expone la distribución de animales muestreados, según área geográfica (cantón, parroquia y comuna) y sexo, en los que se han obtenido las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas.

Tabla 17.- Muestra de bovinos criollos analizada para las variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas en la provincia de Santa Elena.

Cantón de origen	Parroquia	Comuna	Nº Hembras	Nº Machos	Total animales
Santa Elena	Atahualpa	Cerro Alto	15	1	16
Santa Elena	Atahualpa	Entre Ríos	5	1	6
Santa Elena	Atahualpa	Entre Ríos	18	2	20
Santa Elena	Chanduy	Bajada de Chanduy	10	1	11
Santa Elena	Chanduy	Bajada de Chanduy	13	1	14
Santa Elena	Chanduy	Bajada de Chanduy	10	1	11
Santa Elena	Chanduy	Engunga	18	1	19
Santa Elena	Chanduy	Engunga	19	2	21
Santa Elena	Chanduy	Engunga	19	1	20
Santa Elena	Chanduy	Engunga	12	2	14
Santa Elena	Chanduy	Tagaduaaja	15	2	17
Santa Elena	Santa Elena	Cerro Alto	10	1	11
Santa Elena	Santa Elena	San Miguel	8	1	9
Santa Elena	Simón Bolívar	La Cienega	14	1	15
Santa Elena	Simón Bolívar	Julio Moreno	12	1	13
Total			198	19	217



Detalle de la toma de muestras para el estudio de caracterización zoométrica

4.2.3.- Muestreo para las variables de caracterización genética

De los animales referidos anteriormente, se tomó una muestra de 53 ejemplares elegidos al azar (Tablas 18 y 18bis), si bien nos aseguramos que se tratasen de individuos sin parentesco genético. Las muestras de pelo se recogieron en sobres de papel identificados con la identificación individual de cada animal y se mantuvieron a temperatura ambiente hasta su envío al laboratorio. Dichas muestras fueron recibidas en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la empresa Animal Breeding Consulting S.L. (ABC) de la Universidad de Córdoba (España) y una vez allí, se les asignó un número de laboratorio a cada una de ellas, antes de proceder a la realización de los análisis correspondientes.

Tabla 18.- Muestras de bovinos criollos de Santa Elena analizadas para marcadores genéticos.

NLAB	MUESTRA	SEXO	TIPO MUESTRA
521645	21	H	Pelo
521646	22	H	Pelo
521647	23	H	Pelo
521648	24	H	Pelo
521649	25	H	Pelo
521650	26	H	Pelo
521651	27	M	Pelo
521652	28	H	Pelo
521653	29	H	Pelo
521654	30	H	Pelo
521655	31	H	Pelo
521656	32	H	Pelo
521645	21	H	Pelo
521646	22	H	Pelo
521647	23	H	Pelo
521648	24	H	Pelo
521649	25	H	Pelo
521650	26	H	Pelo
521651	27	M	Pelo
521652	28	H	Pelo
521653	29	H	Pelo
521654	30	H	Pelo
521655	31	H	Pelo
521656	32	H	Pelo
521645	21	H	Pelo
521646	22	H	Pelo
521647	23	H	Pelo
521648	24	H	Pelo
521649	25	H	Pelo
521650	26	H	Pelo
521651	27	M	Pelo
521652	28	H	Pelo
521653	29	H	Pelo
521654	30	H	Pelo
521655	31	H	Pelo
521656	32	H	Pelo
521645	21	H	Pelo

Tabla 18bis.- Muestras de bovinos criollos de Santa Elena analizadas para marcadores genéticos.

NLAB	MUESTRA	SEXO	TIPO MUESTRA
521646	22	H	Pelo
521647	23	H	Pelo
521648	24	H	Pelo
521649	25	H	Pelo
521650	26	H	Pelo
521651	27	M	Pelo
521652	28	H	Pelo
521653	29	H	Pelo
521654	30	H	Pelo
521655	31	H	Pelo
521656	32	H	Pelo
521657	33	H	Pelo
521658	34	H	Pelo
521659	35	H	Pelo
521660	36	H	Pelo
521661	37	H	Pelo
521662	38	H	Pelo
521663	39	H	Pelo
521664	40	H	Pelo
521665	41	H	Pelo
521666	42	M	Pelo
521667	43	M	Pelo
521668	44	M	Pelo
521669	45	M	Pelo
521670	46	M	Pelo
521671	47	M	Pelo
521672	48	M	Pelo
521673	49	M	Pelo
521674	50	M	Pelo
521675	51	M	Pelo
521676	52	M	Pelo
521677	53	M	Pelo
521678	54	M	Pelo
521679	55	M	Pelo

4.3.- Metodología

4.3.1.- Metodología para la obtención de variables zoométricas, morfológicas y fanerópticas

Variables zoométricas

La base animal seleccionada se valoró a partir del peso vivo del animal (PV) y 14 variables morfométricas de entre las recomendadas por Parés (2009): Anchura de la cabeza (ACF), Longitud de la cabeza (LCF), Longitud de la cara (LR), Longitud del cráneo (LCR), Alzada a la cruz (ACR), Diámetro bicostal (DBC), Distancia entre encuentros (DEE), Diámetro dorsoesternal (DDE), Perímetro torácico (PT), Perímetro de la caña (PC), Longitud occipital-isquial (LOI), Alzada entrada grupa (AEG), Longitud grupa (LG) y Anchura interilíaca (All). Para su obtención en campo se utilizó la báscula Gallagher W210 (Uruguay) para el peso vivo, y el bastón zoométrico Hauptner, compás de brocas y cinta métrica inextensible para las variables zoométricas.

Índices zoométricos

Se obtuvieron cuatro índices zoométricos de interés etnológico: índice cefálico ($ICEF = AC \cdot 100 / LC$); índice torácico ($ITOR = DBC \cdot 100 / DDE$); índice pelviano ($IPEL = AG \cdot 100 / All$) e índice peso relativo (compacidad) ($IPR = PV \cdot 100 / ACR$); seis índices de interés productivo: índice dáctilo-costal ($IDC = PC \cdot 100 / DBC$); índice de profundidad relativa del tórax ($IPRT = DDE \cdot 100 / ACR$); índice de grueso relativo de la caña ($IGRC = PC \cdot 100 / ACR$); índice carga de la caña ($ICC = PC \cdot 100 / PV$); índice dáctilo-torácico ($IDT = PC \cdot 100 / PT$); y otros seis índices: índice de anamorfosis ($IANA = PT^2 / ACR$); índice morfológico de Alderson sobre alzada inclinada ($IALD1 = ACR - AEG$); índice morfológico de Alderson sobre longitud de equilibrio de la pata delantera ($IALD2 = ACR - DDE$); índice Skorkowski W1 ($W1 = AC \cdot 100 / LR$); índice Skorkowski W5 ($W5 = ACR \cdot 100 / DDE$); e índice Skorkowski W6 ($W6 = DDE \cdot 100 / DE$). Los índices fueron calculados siguiendo la metodología expuesta por Parés (2009).

Variables fanerópticas

Se analizaron 10 variables cualitativas de tipo faneróptico como son: forma del cuerno (tipos proceros, ortoceros y opistoceros, es decir, cuernos con nacimiento delante de la línea de nuca, en la propia línea de la nuca y detrás de la línea de la nuca, respectivamente); extensión de la capa; color de la capa; pigmentación de las mucosas; pigmentación de las pezuñas; finura de pelo, longitud de pelo, presencia/ausencia de papada, presencia/ausencia pliegue umbilical, y tipo borla de la cola. Para la observación y recopilación de la información de estas variables se siguió la metodología expuesta por Sánchez e Iglesias (2009).

Variables morfológicas

Se estudiaron 19 variables morfológicas de tipo cualitativo, 4 de ellas específicas de la cabeza: perfil cefálico; tamaño y orientación de las orejas; y órbitas; mientras que las 15 restantes estaban referidas al resto del cuerpo: presencia/ausencia de giba, longitud de cuello; inclinación de la línea dorsolumbar; inclinación de la grupa; posición del nacimiento de la cola; forma de la nalga; finura de cola; tipo de vientre, tipo de aplomos; tamaño de la ubre, simetría de la ubre, inserción de la ubre; tamaño de los pezones; uniformidad de los pezones y presencia/ausencia de pezones supernumerarios; y borla de la cola. Igualmente, para la observación y recopilación de la información de estas variables se siguió la metodología expuesta por Sánchez e Iglesias (2009).

4.3.2.- Metodología para la obtención de datos de marcadores genéticos

4.3.2.1.- Elección del panel de marcadores

Para este trabajo se han analizado 28 microsatélites, recomendados por el comité de expertos de la FAO/ISAG (*Food and Agriculture Organization of*

the United Nations/International Society of Animal Genetics) para estudios de diversidad genética en la especie bovina (Tablas 19 y 19bis).

Tabla 19.- Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino.

Microsatélite	Cromosoma	Rango	Cebadores
BM1314	26	173-203	TTCCTCCTCTTCTCTCCAAAC ATCTCAAACGCCAGTGTGG
BM1818	23	90-110	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC
BM1824	1	134-165	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCCTTG
BM2113	2	104-130	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC
BM8125	17	128-157	CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG GGGGGTTAGACTTCAACATACG
CSRM60	10	180-200	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG
CSSM66	14	282-315	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG
ETH10	5	160-195	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCACTTTCTCTTCTC
ETH185	17	105-145	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC GCACCCCAACGAAAGCTCCCAG
ETH225	9	240-260	GATCACCTTGCCACTATTTCTCCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT
ETH3	19	254-290	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG
HAUT24	22	120-146	CTCTCTGCCTTTGTCCCTGT AATACACTTTAGGAGAAAAATA
HAUT27	27	203-232	TTTTATGTTCATTTTTTGACTGG AACTGCTGAAATCTCCATCTTA
HEL13	11	215-240	TAAGGACTTGAGATAAGGAG CCATCTACCTCCATCTTAAC

Tabla 19bis.- Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado bovino. (Continuación)

Microsatélite	Cromosoma	Rango	Cebadores
HEL9	8	102-136	CCCATTCAGTCTTCAGAGGT CACATCCATGTTCTCACCAC
ILSTS11	14	150-170	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC
ILSTS6	7	141-182	TGTCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG
INRA23	3	75-107	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTTAGATGAACTC
INRA32	11	100-122	AAACTGTATTCTCTAATAGCTAC GCAAGACATATCTCCATTCTTT
INRA35	16	153-173	ATCCTTTGCAGCCTCCACATTG TTGTGCTTTATGACACTATCCG
INRA37	10	180-200	GATCCTGCTTATATTTAACCAC AAAATTCCATGGAGAGAGAAAC
INRA63	18	265-285	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGGAAG
MM12	9	190-225	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT
SPS115	15	100-130	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG
TGLA053	16	150-180	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA
TGLA122	21	120-145	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC AATCACATGGCAAATAAGTACATAC
TGLA126	20	115-131	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC
TGLA227	18	171-191	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA

4.3.2.2.- Extracción de ADN

El ADN se ha extraído de las muestras de pelo con raíz de los animales referidos en la Tablas 18 y 18bis mediante el siguiente protocolo:

1.- Material empleado:

- TE: Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM pH=8.
- Tampón K: 0,372 g de KCl, 0,051g de MgCl₂, 1 ml de Tris-HCl 1 M (pH=8,5), 0,5 ml de Tween 20 y 98 ml de H₂O. Añadir 100 ug/ml de Proteinasa K justo en el momento en que se va a utilizar.

2.- Método:

- Lavar de 3 a 5 pelos con raíz de cada animal con agua bidestilada y después con etanol 100%.
- Dejar secar.
- Cortar las raíces de los pelos con unas tijeras esterilizadas con alcohol e introducirlos en microtubos.
- Añadir 100 µl de tampón K.
- Incubar a 56 °C durante 45 minutos.
- Elevar la temperatura a 95 °C e incubar durante 10 minutos.
- Conservar a -20 °C hasta su uso.

4.3.2.3.- Amplificación in vitro del ADN mediante PCR, secuenciación y tipificación de las muestras

Los fragmentos obtenidos mediante la PCR se han sometido a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático capilar ABI 3130XL. El genotipado se ha analizado con los programas Genescan Analysis® v 3.1.2 y Genotyper® 2.5.

4.4.- Análisis estadísticos

4.4.1.- Variables zoométricas, fanerópticas y morfológicas.

Inicialmente se realizó un análisis estadístico descriptivo de las variables cuantitativas estudiadas, así como un análisis de varianza univariante de los residuos de las variables zoométricas para comparar rasgos morfométricos entre machos y hembras utilizando el sexo como único efecto fijo. De igual forma, se estimaron los coeficientes de correlación de Pearson de los residuos de las variables morfométricas y PV. Además, se llevó a cabo un análisis de componentes principales de los residuos de las variables con el fin de determinar el número de variables independientes que recogen la mayor parte de la varianza en los caracteres morfométricos estudiados. Asimismo, se realizó un análisis de varianza univariante entre sexos de las funciones lineales de los seis primeros componentes principales. Por último, se realizó un análisis discriminante canónico a partir de las variables morfométricas para establecer posibles relaciones existentes entre cuatro poblaciones bovinas de Ecuador (Lojano: 198; Manabí: 794; Santa Elena: 198; Tsachilas: 198), así como se calcularon las distancias de Mahalanobis para estimar el grado de diferenciación entre dichas poblaciones, utilizando para ello solo datos de hembras adultas.

En cuanto a las variables de naturaleza cualitativa, tanto en las de tipo faneróptico como en las variables morfológicas, se calculó la proporción media y el error estándar de la proporción media. Asimismo, se realizó un estudio comparativo de las 29 variables cualitativas entre el ganado criollo de Manabí (GCM: 818) y el ganado criollo de Santa Elena (GCSE: 216) mediante pruebas de Chi-cuadrado.

Los análisis estadísticos fueron realizados usando el software Statistica, versión 10.

4.4.2.- Microsatélites del ADN

4.4.2.1.- Diversidad genética intra-racial

Se ha calculado el número medio de alelos por locus (MNA), las frecuencias alélicas, las heterocigosis esperada (H_e) y observada (H_o) y el contenido de información polimórfica (PIC) con el programa MICROSATELLITE TOOLKIT software para Excel (Park, 2001). De la misma forma, se ha obtenido el número efectivo de alelos con el programa PopGene (Yeh and Boyle, 1997). Los valores de F_{IS} (coeficiente de consanguinidad) con un intervalo de confianza del 95% se han calculado con el programa informático GENETIX v. 4.05 (Belkhir et al., 2003) y se ha realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HW) usando el programa GENEPOP v. 3.1c (Raymond and Rousset, 1995), que aplica el test exacto de Fisher usando el método en cadena de Monte Carlo Markov y la corrección de Bonferroni (Guo and Thompson, 1992).

4.4.2.2.- Diversidad genética inter-racial. Relaciones con otras razas

Para este análisis, la población del GCSE de Ecuador se ha incluido en una base de datos que comprende otras 33 razas pertenecientes al Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de Animal Breeding Consulting S.L. y del Consorcio BioBovis (<http://biobovis.jimdo.com>), siendo éstas empleadas en el presente análisis sólo a título de grupos de comparación (Tabla 20). Del conjunto de razas analizadas, 14 eran criollas iberoamericanas (Sudamérica (10); Centroamérica (3); Ecuador (4)), otras 9 razas eran ibéricas, 5 razas eran internacionales, otras 5 eran cebuinas y otra más africana (Kenya). El tamaño de la muestra analizada fue de 1495 individuos y 19 microsatélites comunes a todas las poblaciones, empleándose el cálculo de distancia D_A (Nei et al., 1983).

4.4.2.2.1. Análisis multidimensionales

El Análisis de Componentes Principales y el Análisis Factorial de Correspondencia tienen como objetivo encontrar la estructura más sencilla reduciendo la dimensionalidad de las variables sin perder información importante. Para realizar esta reducción se simplifica el número de variables a un pequeño número de índices. El Análisis Factorial de Correspondencia se realizó con el programa GENETIX (Belkhir et al. 2003).

4.4.2.2.2.- Distancias genéticas

Se han calculado las distancias genéticas D_A (Nei et al. 1983) con el programa informático POPULATIONS (Langella, 1999). Con los valores de distancia obtenidos se ha realizado un dendograma Neighbor-Joining mediante el programa TREEVIEW (Page, 1996) para representar gráficamente las relaciones genéticas entre las razas.

4.4.2.2.3.- Estudios de vecindad

Se han calculado los estadísticos F de Wright (Wright, 1969): el coeficiente de consanguinidad F_{IT} (coeficiente de consanguinidad de cada individuo con respecto a la población total), el coeficiente de diferenciación genética F_{ST} (el efecto de las subpoblaciones en comparación con la población total) y F_{IS} (coeficiente de endogamia de cada individuo en relación a la subpoblación a la que pertenece). Estos estadísticos se han calculado mediante el programa GENETIX (Belkhir et al. 2003).

4.4.2.2.4.- Estructura genética

Se ha realizado un análisis de la subestructura de la población bovina del GCSE utilizando un algoritmo bayesiano del programa de análisis STRUCTURE v 2.1 (Pritchard et al., 2000), que emplea un modelo basado en método de cadenas Markov de Monte Carlo, que estima la distribución a posteriori de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q). La media de esta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. Con este programa se hace un análisis de agrupamiento de los individuos estudiados en un diferente número de clusters (K) que representarían el número de poblaciones asumidas utilizando un modelo de mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.



Tabla 20.- Poblaciones bovinas utilizadas en el estudio comparativo: denominación, acrónimo, país de procedencia y número de animales

	RAZA/POBLACIÓN	ACRÓNIMO	PROCEDENCIA	n
1	Criollo Ecuador (Manabí)	MAN	Ecuador	31
2	Criollo Ecuador (Santa Elena)	SE	Ecuador	53
3	Criollo Ecuador (Loja)	LOJA	Ecuador	46
4	Criollo Ecuador (Macabea)	MACA	Ecuador	25
5	Texas Longhorn	TLH	USA	59
6	Criollo Lechero Tropical	CLT	México	46
7	Guaymí	GY	Panamá	36
8	Blanco Orejinegro	BON	Colombia	25
9	Hartón del Valle	HV	Colombia	22
10	Caracú	CAR	Brasil	57
11	Pantaneiro	PAN	Brasil	48
12	Criollo Uruguayo	CUR	Uruguay	43
13	Criollo Pilcomayo	PIL	Paraguay	36
14	Criollo Argentino	CARG	Argentina	50
15	Retinto	RET	España	50
16	Avileña	AVI	España	50
17	Rubia Gallega	RGA	España	50
18	Berrenda Colorado	BC	España	40
19	Marismeña	MAR	España	50
20	Pajuna	PAJ	España	38
21	Negra Andaluza	NAN	España	50
22	Vaca Canaria	VCA	España	50
23	Vaca Palmera	PAL	España	50
24	Hereford	HER	Internacional	88
25	Parda Suiza	BWS	Internacional	29
26	Charolais	CHAR	Internacional	58
27	Holstein	HOL	Internacional	50
28	Limousin	LIM	Internacional	47
29	EASZ	EASZ	Kenya	47
30	Gyr	GYR	Brasil	36
31	Brahman	BRH	Brasil	41
32	Sindi	SIN	Brasil	11
33	Guzerat	GUZ	Brasil	15
34	Nelore	NEL	Brasil	68

5.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.1.- Estudio de las variables zoométricas o morfométricas

5.1.1.- Caracterización del ganado de doble propósito en Santa Elena según las variables zoométricas.

En la Tabla 21 se muestran los estadísticos descriptivos de las variables zoométricas analizadas en el GCSE, así como los resultados del análisis de varianza de dichas variables atendiendo al sexo como único factor de variación. La mayoría de las variables muestran la existencia de moderada variabilidad en la población, confirmando así una discreta uniformidad zoométrica, a excepción de los resultados encontrados para DDE, LCF, All y LR en machos, ACF en hembras y DEE en ambos sexos. En cualquier caso, existe mayor variabilidad en el caso de los machos. Asimismo, la mayor parte de las variables zoométricas presentan diferencias altamente significativas entre machos y hembras ($p < 0,001$), algunas otras variables ACF y AEG con diferencias moderadamente significativas ($p < 0,05$) y las variables LCF, DEE, DDE, AG y All que resultan no significativas ($p > 0,05$).

La variabilidad fenotípica observada en el CGSE para las variables zoométricas fue superior a la reportada en otras poblaciones ecuatorianas: criollo lojano (Apolo y Chalco, 2012), criolla macabeo (Vargas et al, 2015), criollo manabita (Cevallos et al, 2016), criollo de Santo Domingo de los Tsáchilas (Cevallos et al, 2015); así como en otras razas criollas iberoamericanas: criollo patagónico (Martínez et al, 2007) en Argentina, criollo de Saavedra en Bolivia (Centellas et al, 2008), criollo pantanero en Brasil (Abreu et al, 2015), criollo Casanare en Colombia (Salamanca y Crosby, 2013), criollo barroso o salmeo en Guatemala (Jáuregui y Melgar, 2009), criollo de Chinampa y Mixteco en México (Espinoza et al, 2009; Méndez et al, 2002), criollo pampa chaqueño en Paraguay (Martínez et al, 2009), criollo limonero de Venezuela (Contreras et al, 2011) y criollo uruguayo (Rodríguez et al, 2001), entre otros, además de las razas berrenda en colorado y berrenda en negro (González, 2007); serrana de Teruel (Vijil et al, 2009), negra andaluza (Nogales et al, 2011), pallares (Jordana et al, 2010) y morucha (De la Fuente et al, 2018) en España.

Los resultados obtenidos confirman que la población criolla analizada presenta un formato corporal intermedio respecto al resto de razas criollas ecuatorianas en particular, y de las razas criollas iberoamericanas en general, donde resulta claramente superior al criollo uruguayo (Rodríguez et al, 2001), criollo mixteco (Méndez et al, 2002) y criollo de Panamá (Villalobos et al, 2012), entre otros, así como muestra valores sensiblemente inferiores al criollo patagónico (Martínez et al, 2007), criollo barroso o salmeo de Guatemala (Jauregui y Melgal, 2009), o el criollo Manabita (Cevallos et al, 2016) entre las poblaciones que superan en tamaño a la estudiada.

De la misma forma, los resultados obtenidos son inferiores a los reportados para las razas autóctonas españolas: berrenda en colorado y berrenda en negro (González, 2007); serrana de Teruel (Vijil et al, 2009), pallaresa (Jordana et al, 2010), negra andaluza (Nogales et al, 2011) y morucha (De la Fuente et al, 2018) e intermedios si se compara con el conjunto de las razas autóctonas portuguesas (Carolino, 2010); lo que sitúa a este

ganado como típicamente eumétrico, probablemente por la influencia de las razas ibéricas en su origen (Rodero et al, 1992) y como ventaja adaptativa a las condiciones ambientales tropicales (Cevallos et al, 2016).

5.1.2.- Análisis comparativo entre sexos según las variables zoométricas

Los resultados del análisis de varianza indican que la mayor parte de las variables zoométricas (7/15) son altamente significativas en machos respecto a hembras ($P < 0,001$), mientras que dos variables tienen diferencias significativas menores ($P < 0,05$). Los machos presentan mayores valores que las hembras en la casi totalidad de las variables, a excepción de ACF y DBD, que son superiores en las hembras. Asimismo, no existen diferencias significativas ($P > 0,05$) entre sexos en LCF, DEE, DDE, LG y All, siendo las cinco únicas variables zoométricas donde no existen diferencias significativas entre ambos sexos.

Por tanto, se constata la existencia de un moderado a elevado dimorfismo sexual en GCSE, según los resultados del análisis de varianza en las variables zoométricas, en concordancia con el perfil de las poblaciones de ganado de tipo ambiental y poco seleccionadas, atendiendo a lo expuesto por Herrerra (2007), si bien no resulta tan acusado como en el caso del criollo uruguayo (Rodríguez et al, 2001), criollo macabeo (Vargas et al, 2015) y criollo Manabita (Cevallos et al, 2016). En cualquier caso, los estudios de dimorfismo sexual han sido escasamente estudiados anteriormente en el ámbito americano, como sería el caso de criollo Limonero (Chirinos et al. 2011), Criollo de Oaxaca (Fuentes et al, 2011) y criollo Casanare (Salamanca y Crosby, 2013), entre otros trabajos.

Tabla 21. Estadísticos descriptivos y Anova para el factor sexo de las variables zoométricas en el ganado bovino criollo de Santa Elena.

Variables	Machos				Hembras				F	P
	Media	D.E	Min.	Max.	Media	D.E	Min.	Max.		
ACF	18,32	2,03	15,00	22,00	20,63	4,29	16,00	30,00	5,38	0,0213 *
LCF	44,63	11,92	20,00	56,00	45,62	2,92	41,00	51,00	0,84	0,3604 ^{ns}
LR	19,74	3,99	20,00	36,00	16,84	1,53	14,00	20,00	99,40	0,0001***
LCR	29,18	3,45	14,00	26,00	28,18	2,76	20,00	34,00	53,10	0,0001***
ACR	132,00	5,59	120,00	141,00	124,21	5,27	114,00	133,00	35,67	0,0001***
DBC	42,28	2,24	39,00	47,00	69,72	10,09	40,00	82,00	31,78	0,0001***
DEE	49,53	13,53	28,00	70,00	46,01	9,95	28,00	62,00	2,03	0,1558 ^{ns}
DDE	62,58	19,42	40,00	95,00	61,95	8,78	45,00	73,00	0,07	0,7972 ^{ns}
PT	173,05	8,85	156,00	185,00	156,21	10,92	90,00	180,00	42,08	0,0001***
PC	19,29	3,70	14,00	26,00	15,58	0,62	14,00	17,00	44,18	0,0001***
LOI	183,61	7,28	172,00	195,00	162,55	12,83	136,00	181,00	46,99	0,0001***
AEG	137,37	7,46	127,00	150,00	130,51	5,23	121,00	139,00	27,39	0,0127*
LG	43,05	6,03	36,00	55,00	43,26	3,31	38,00	50,00	0,06	0,8092 ^{ns}
AII	39,11	8,55	20,00	54,00	42,02	5,73	32,00	51,00	3,86	0,0509 ^{ns}
PV	569,58	10,34	550,00	585,00	395,72	55,39	280,00	540,00	85,68	0,0001***

ACF: anchura de la cabeza, LCF: longitud de la cabeza, LR: longitud de la cara, LCR: longitud del cráneo, ACR: alzada a la cruz, DBC: diámetro bicostal, DEE: distancia entre encuentros, DDE: diámetro dorsoesternal, PT: perímetro torácico, PC: perímetro de la caña. LOI: longitud occipital-isquial, AEG: alzada entrada grupa; LG: longitud grupa y AII: anchura interiliaca, expresadas en cm. PV: peso vivo, expresado en Kg. N: número datos, CV: coeficiente de variación porcentual, DE: desviación estándar, Min. valor mínimo, Max: valor máximo; **:p < 0,01; ***: p < 0,001; ns = no significativo

5.1.3.- Caracterización del Ganado Criollo de Santa Elena según los índices zoométricos

Los estadísticos descriptivos y el análisis de varianza entre sexos obtenidos para los índices zoométricos en el GCSE se muestran en la Tabla 22. En general, todos los índices zoométricos presentan un grado de variabilidad de moderado a alto en machos, especialmente en IPRT, ALD2, W5 y ITOR, así como ALD1 y W6 en ambos sexos, resultando una menor variabilidad para el resto de índices en el caso de las hembras. Respecto a la comparación entre sexos, todos los índices resultan altamente significativos ($p < 0,001$), a excepción de IRPT con menor grado de significación ($p < 0,05$) y de IPEL, ALD1 y W6 que resultan no significativas ($p > 0,05$).

Respecto a los índices zoométricos de interés etnológico, el valor promedio de ICEF sitúa a esta población como de tipo dolicocefalo con predominio de la LCF frente a ACF, en coincidencia a lo descrito en otras razas criollas iberoamericanas, como el criollo de Saavedra en Bolivia (Centellas et al, 2008), criollo barroso o salmeco en Guatemala (Jauregui y Melgal, 2009), criollo limonero de Venezuela (Contreras et al, 2011) o criollo Manabita en Ecuador (Cevallos et al, 2016) o bien en razas autóctonas españolas como las razas asturiana de los valles, bruna de los Pirineos, parda de montaña y pirenaica (Parés y Jordana, 2008) y serrana de Teruel (Vijil et al, 2009). No obstante, con carácter general, la dolicocefalia es mucho más acusada en machos que en hembras.

A partir de los valores de IDT e IDC obtenidos, el GCSE se encuadra dentro de las poblaciones con predisposición a la aptitud láctea, dado que dichos promedios informan sobre la finura del esqueleto de los animales y su asociación con la capacidad de producción lechera, especialmente en las hembras. Asimismo, el valor del LOI/ACR indica que esta población presenta una proporción corporal sublongilínea como otro rasgo característico compatible con la aptitud lechera, relación más destacada en hembras. Por otra parte, coincidiendo con la mayoría de razas ambientales autóctonas españolas

y criollas iberoamericanas, este ganado presenta una línea dorsolumbar con inclinación caudal ascendente, lo que favorece la gimnástica funcional de los animales en terrenos de relieve accidentado.

5.1.4.- Análisis comparativo entre sexos según los índices zoométricos

Asimismo, en el caso de los índices zoométricos, aquellos de interés etnológico ICEF, ITOR e IPR son significativamente diferentes entre sexos ($p < 0,001$), lo que unido a las diferencias estadísticas halladas en el resto de índices productivos confirma una escasa uniformidad morfoestructural entre machos y hembras en esta población. Esta situación sugiere que el GCSE podría estar siendo sometido a un proceso de mejora por cruzamiento mediante el empleo de sementales que habrían recibido influencia de razas exóticas o, lo que es lo mismo, una gestión genética diferente para machos y hembras como dos subpoblaciones distintas, lo que justifica las diferencias halladas entre sexos para los índices zoométricos de tipo etnológico y productivo y la mayor variabilidad intrínseca existente en el grupo de los machos.

Por otro lado, IPEL, IALD1 y W6 muestran homogeneidad estadística en ambos sexos en consonancia con los caracteres de tipo adaptativo que representan, dada la importancia de la inclinación caudal ascendente de la línea dorsolumbar al favorecer la gimnástica funcional de los animales en terrenos de difícil orografía, así como la relación de la anchura de la pelvis con la facilidad del parto, respectivamente.

Tabla 22. Estadísticos descriptivos y Anova para el factor sexo de los índices zoométricos del bovino criollo de Santa Elena.

Variables	Machos				Hembras				F	P
	Media	D.E	Min.	Max.	Media	D.E	Min.	Max.		
ICEF	36,50	3,61	27,78	40,82	43,13	6,98	32,00	61,36	13,17	0,0004***
ITOR	74,31	18,22	48,42	107,50	116,15	12,85	98,63	150,98	54,48	0,0001***
IPEL	48,18	8,28	34,00	60,61	49,54	7,83	34,00	64,10	0,46	0,4966 ^{ns}
IPR	433,06	19,79	402,17	466,67	310,35	35,81	240,60	387,10	93,78	0,0001***
IDC	44,60	7,79	34,15	60,47	21,77	2,28	18,29	30,77	88,57	0,0001***
IPRT	47,74	14,98	29,63	70,77	51,52	5,21	40,16	60,68	5,26	0,0229*
IGRC	14,91	2,55	11,36	18,98	12,53	0,71	11,28	13,93	83,31	0,0001***
ICC	3,39	0,62	2,50	4,51	4,05	0,51	2,96	5,19	24,93	0,0001***
IDT	11,20	1,98	8,64	14,61	9,88	0,48	8,89	10,95	44,23	0,0001***
IAN	229,78	15,99	198,82	248,07	200,94	11,91	178,32	223,21	79,81	0,0001***
ALD1	-5,29	3,98	-13,00	2,00	-5,98	4,14	-14,00	3,00	0,43	0,5107 ^{ns}
ALD2	69,06	20,36	38,00	95,00	59,75	5,81	50,00	72,00	20,80	0,0001***
W1	64,61	11,40	45,71	100,00	114,21	17,37	89,47	157,89	31,50	0,0001***
W5	228,92	67,33	141,30	337,50	192,20	17,99	164,79	247,92	30,32	0,0001***
W6	126,02	34,23	72,58	166,67	138,90	32,67	76,27	203,13	2,54	0,1124 ^{ns}

ICEF: índice cefálico, ITOR: índice torácico, IPEL: índice pelviano, IPR: índice de peso relativo (compacidad), IDC: índice dáctilo-costal, IPRT: índice de profundidad relativa del tórax, IGRC: índice de grueso relativo de la caña, ICC: índice carga de la caña, IDT: índice dáctilo-torácico, IANA: índice morfológico de Alderson sobre alzada inclinada, IALD1: índice morfológico de Alderson sobre longitud de equilibrio de la pata delantera, W1: índice Skorkowski W1, W5: índice Skorkowski W5, W6: índice Skorkowski W6. N: número datos, CV: coeficiente de variación porcentual, DE: desviación estándar, Min. valor mínimo, Max: valor máximo; **: $p < 0,01$; ***: $p < 0,001$; ns = no significativo

5.1.5.- Estudio de la armonicidad del modelo morfoestructural

Los coeficientes de correlación de Pearson obtenidos para los residuos de las variables analizadas (Tabla 23) ofrecen un grado de armonía moderado en esta población donde se obtiene el 55,24% de los coeficientes significativos ($p < 0,05$). Las correlaciones en las variables LCR y PT se consideran altas y, en menor proporción, ACR, AEG, LOI, LG y All. Los valores del coeficiente de correlación fenotípica más elevados son entre DBC y LCR y entre LG y All ($r=0,86$), y en menor medida entre PC y LR (0,75), ACR y AEG (0,71) y LCR y LR (0,70).

Asimismo, el bajo nivel de correlación encontrado entre las variables analizadas muestra la alta variabilidad subyacente en esta población, confirmando lo esperado en este tipo de poblaciones que históricamente han sido seleccionadas de forma masal por los ganaderos con criterios no coincidentes y que en la actualidad carecen de programas de cría correctamente estructurados, así como se evidencia la completa ausencia de implementación de criterios de selección uniformes por parte de los productores (Herrera, 2007). Resultados similares han sido obtenidos en el ganado criollo de Manabí dentro de Ecuador (Cevallos et al, 2016) así como en el caso de la raza autóctona española serrana de Teruel (Vijil et al, 2009). Además, también habría que tener en cuenta como otra posible consecuencia el efecto que provoca la utilización de sementales con influencia de razas exóticas mejorantes.

Tabla 23. Matriz de los coeficientes de correlación de Pearson entre las variables estudiadas.

	LCF	LR	LCR	ACR	DBC	DEE	DDE	PT	PC	LOI	AEG	LG	All	PV
ACF	0,05	-0,02	0,05	0,09	0,06	-0,08	-0,09	0,01	0,01	-0,10	0,01	-0,05	-0,06	-0,04
LCF		0,24*	0,16	0,34*	0,10	-0,16	-0,21*	0,22*	0,03	0,25*	0,25*	0,51*	0,41*	-0,01
LR			-0,70*	0,50*	-0,67*	0,10	-0,03	0,67*	0,75*	0,54*	0,44*	0,20*	0,14	0,62*
LC				-0,10	0,86*	0,08	0,13	-0,33*	-0,43*	-0,11	-0,06	0,30*	0,28*	-0,60*
ACR					-0,07	0,23*	-0,09	0,64*	0,28*	0,53*	0,71*	0,52*	0,40*	0,18*
DB						0,29*	0,17	-0,18*	-0,50*	0,01	0,05	0,37*	0,42*	-0,63*
DE							0,15	0,39*	0,09	0,32*	0,14	0,48*	0,53*	-0,04
DD								0,02	0,08	0,36*	0,03	0,04	0,11	-0,04
PT									0,49*	0,62*	0,59*	0,48*	0,42*	0,37*
PC										0,35*	0,35*	0,01	-0,07	0,48*
LOI											0,61*	0,55*	0,60*	0,22*
AEG												0,48*	0,39*	0,12
AG													0,86*	-0,12
All														-0,11

* = $P < 0,05$

Por otra parte, atendiendo a la Tabla 24, los seis primeros componentes principales explicaron el 85% de la variación total. De todos los componentes principales (14), ocho (57,0%) presentaron autovalor menor que 0,7. En la Tabla 25 se han seleccionado los factores que recogen el 73,42% de la varianza total.

El CP1 se identificó con LCR el cual se caracterizó por correlaciones negativas frente a PT (-0,89), LOI (-0,82), ACR (-0,75), AEG (-0,75), LG (-0,74) y All (-0,70), es decir, el formato corporal de los animales disminuye conforme se incrementa LCR. Este primer factor recoge el 33,46% de la variación en las variables originales.

Tabla 24. Análisis de componentes principales en el bovino criollo de Santa Elena a partir de los residuos de las variables zoométricas.

Componente principal	Valor propio	Varianza explicada	Valor propio acumulado	Varianza explicada acumulada
1	4,68	33,46	4,68	33,46
2	3,06	21,83	7,74	55,28
3	1,53	10,92	9,27	66,21
4	1,01	7,22	10,28	73,43
5	0,94	6,74	11,22	80,16
6	0,81	5,76	12,03	85,93
7	0,59	4,22	12,62	90,15
8	0,40	2,85	13,02	93,00
9	0,28	1,98	13,30	94,98
10	0,24	1,72	13,54	96,69
11	0,19	1,37	13,73	98,07
12	0,12	0,85	13,85	98,92
13	0,09	0,61	13,93	99,53
14	0,07	0,47	14,00	100,00

El CP2 se asoció a DBC, donde un incremento de dicha variable se correspondió con el aumento del tamaño de la grupa (LG, All) y una disminución PC. Este factor explica el 21,82% de la variación total. Asimismo, y con menor importancia, el CP3 da el mayor peso a DEE y el CP4 a ACF, explicando ambos, respectivamente, solo el 10,92 y 7,22% de la variación. Asimismo, el análisis de varianza de las funciones lineales de los seis primeros CP reveló que solo existen diferencias significativas entre sexos para CP1 y CP2, mientras que se constata homogeneidad estadística en el resto de los casos.

Tabla 25. Contribución de los residuos de las variables al análisis de componentes principales.

Variables	Factor 1	Factor 2	Factor 3	Factor 4
ACF	0,05	-0,02	-0,24	0,86
LCF	-0,36	0,15	-0,76	-0,10
LR	-0,69	-0,66	-0,05	-0,07
LCR	0,22	0,81	-0,19	0,08
ACR	-0,75	-0,02	-0,24	0,11
DBC	-0,01	0,91	0,11	0,15
DEE	-0,47	0,33	0,46	-0,19
DDE	-0,15	0,16	0,70	0,28
PT	-0,85	-0,17	0,08	0,02
PC	-0,46	-0,62	0,09	0,09
LOI	-0,83	0,06	0,22	0,11
AEG	-0,75	0,03	-0,07	0,21
AG	-0,74	0,50	-0,17	-0,13
All	-0,70	0,55	-0,00	-0,14

A efectos prácticos, se constata que el CP1 explicó más de la tercera parte de la varianza observada, el cual definió la estructura cefálica respecto a la morfoestructura general de los animales de manera que a mayor LCR los animales reducen su formato corporal en alzadas, longitudes y perímetros, mientras que, el CP2 se asoció a la capacidad corporal, de forma que un incremento de DBC mejora la morfoestructura de la grupa, lo que se vincula con un canal pélvico de suficiente anchura en las hembras, según AI y LG. Por tanto, se deduce la importancia de LCR como variable definitoria de la selección intuitiva de la morfoestructura de los animales, así como la importancia de DBC relacionado con la capacidad corporal y tamaño de la grupa como ventaja adaptativa a la facilidad de parto en las hembras, como sendos criterios de selección de los reproductores de mayor interés para los ganaderos.

5.1.6.- Estudio comparativo entre poblaciones bovinas ecuatorianas

La Tabla 26 muestra las funciones discriminantes canónicas. La significancia de las dos funciones discriminantes obtenidas fue probada por Wilk's Lambda (λ), siendo 0,03 y 0,22, respectivamente, así como la prueba de Chi cuadrado (χ^2), que obtuvo un valor de 2.457,67 y 1.008,03 ($p \leq 0.001$), respectivamente. Asimismo, las funciones 1 y 2 explicaron el 72,33% y 25,68% de la variación total, respectivamente, quedando la función 3 como testimonial dado que la varianza explicada es inferior al 2%. Estos resultados proporcionaron validez para el análisis discriminante, destacando que la función 1 tiene la mejor combinación lineal de rasgos que permite discriminar entre las cuatro poblaciones.

La Tabla 27 muestra los coeficientes canónicos estandarizados y la variación total explicada por estos coeficientes canónicos. Para todas las variables, cada valor correspondiente indica la contribución original de cada rasgo a la variación general entre la población, que es un reflejo de su poder discriminatorio.

Tabla 26. Resumen de las funciones discriminantes canónicas a partir de las muestras de hembras

Función	Valor propio	% Varianza explicada	Correlación canónica	λ	X^2	Nivel significación
1	7,58	72,33	0,94	0,03	2457,6	$p < 0,001$
2	2,69	25,69	0,85	0,22	1008,0	$p < 0,001$
3	0,21	1,98	0,41	0,83	127,16	$p < 0,001$

λ = Wilks' – Lambda; X^2 . = Chi-cuadrado

Tabla 27. Coeficientes canónicos estandarizados para cada variable.

Variables	CAN 1	CAN 2
ACF	0,03	0,10
LCF	0,03	0,19
LR	-0,41	-0,38
LC	0,73	-0,52
ACR	-0,47	-0,33
DB	0,26	0,39
DE	0,00	-0,13
DDE	-0,22	-0,36
PT	-0,16	0,05
PC	-0,39	-0,37
LOI	0,34	-0,59
AEG	0,00	0,99
AG	0,28	0,31
LG	0,19	-0,09
All	-0,31	0,41

En general, cualquier variable con una carga de 0,30 (o superior) se considera que contribuye significativamente como una variable discriminatoria. Por lo tanto, en CAN 1 con la mejor contribución lineal de rasgos, LC, ACR, LR, PC, LOI y All son las variables más discriminantes para las cuatro poblaciones

bovinas, mientras que en CAN 2, además de las variables anteriores encontramos AEG, DB, DDE y AG con valores de 0,30 y superiores.

La Tabla 28 reafirma aún más este hallazgo, teniendo en cuenta que el 86,61% del GCM, el 43,40% del criollo de GCSTCh, el 93,42% del GCSE y el 83,50% del GCL se clasificaron correctamente.

Tabla 28. Valores medios de las variables canónicas y proporción de clasificación observada

Población	Función 1	Función 2	Función 3	% Clasificación
Manabí	1,90	0,47	-0,28	86,61
Tsáchilas	1,85	-0,16	1,01	43,40
Sta. Elena	-5,24	1,45	0,04	93,42
Loja	-2,15	-4,62	-0,16	83,50

Las distancias de Mahanalobis (diagonal superior) y las distancias euclidianas (diagonal inferior) entre poblaciones se exponen en la Tabla 29, donde se evidencia desde la proximidad entre GCM y GCSTCh (2,09) hasta el mayor distanciamiento hallado entre GCSE y GCSTCh (47,56), teniendo en cuenta que todos los valores resultan estadísticamente significativos ($p < 0,05$). Por su parte, las distancias euclidianas individuales obtenidas confirman la proximidad existente entre GCM y GCSTCh y entre GCSE y GCL y el distanciamiento de sendos grupos entre sí.

Tabla 29. Distancias de Mahalanobis y distancias euclidianas individuales entre hembras de las poblaciones bovinas ecuatorianas analizadas.

Población	Manabí	Tsachilas	Sta Elena	Loja
Manabí		2,09***	45,86***	39,71***
Tsachilas	31,8		47,56***	34,92***
Sta Elena	66,2	56,2		41,29***
Loja	48,2	41,7	31,2	

*** = $p < 0,001$

En la Figura 17 se muestra un gráfico bidimensional de las variables CAN 1 y CAN 2 que demuestra las relaciones existentes entre las cuatro poblaciones, con una superposición significativa entre el GCM y GCSTCh, mientras que la GCL y GSE se diferencian claramente del resto conformando agrupamientos separados, no presentando superposición de ningún tipo.

El análisis discriminante canónico entre las hembras demostró que cada una de las razas tiene un patrón zoométrico diferente, lo que implica la clara diferenciación morfométrica entre las cuatro poblaciones posiblemente debida al aislamiento reproductivo existente entre las mismas, así como a diferentes criterios de selección masal aplicados en cada caso, todo ello debido al distanciamiento geográfico existente entre dichas poblaciones. No obstante, estos resultados fueron corroborados por las diferencias significativas obtenidas para las distancias de Mahalanobis para las cuatro poblaciones, siendo GCM y GCSTCh las más cercanas entre sí, mientras que GCSE la que se encuentra más alejada del resto y GCL es la población que ocupa posiciones intermedias, tal y como se corrobora en la Figura 18.

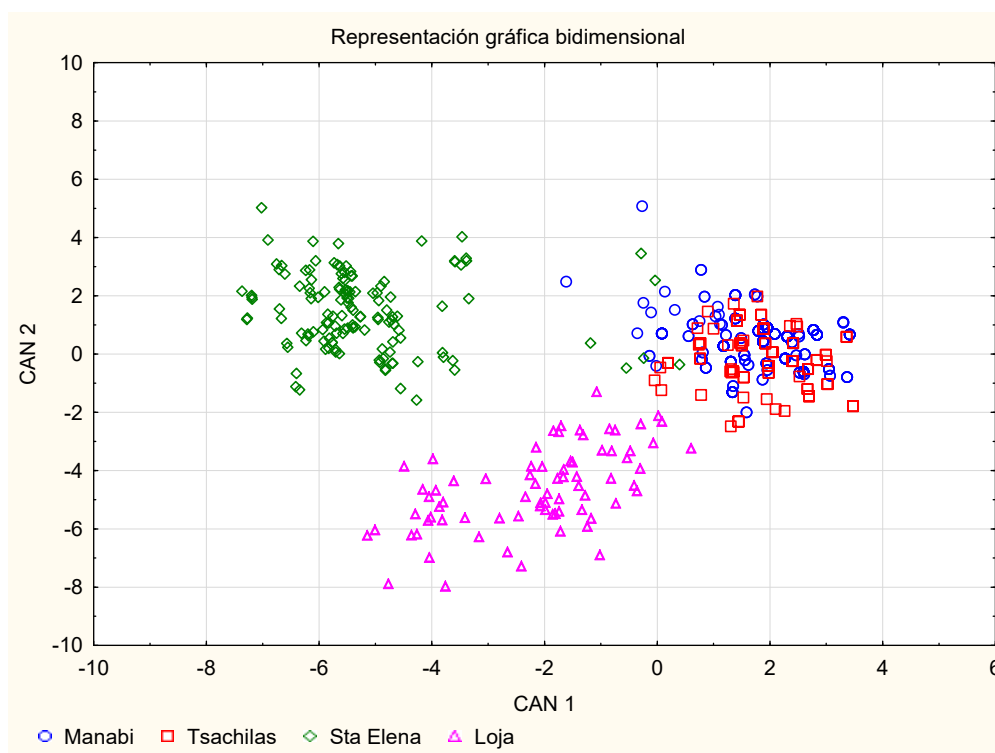


Figura 17. Representación gráfica del análisis discriminante canónico entre hembras de poblaciones bovinas ecuatorianas para las variables zoométricas.

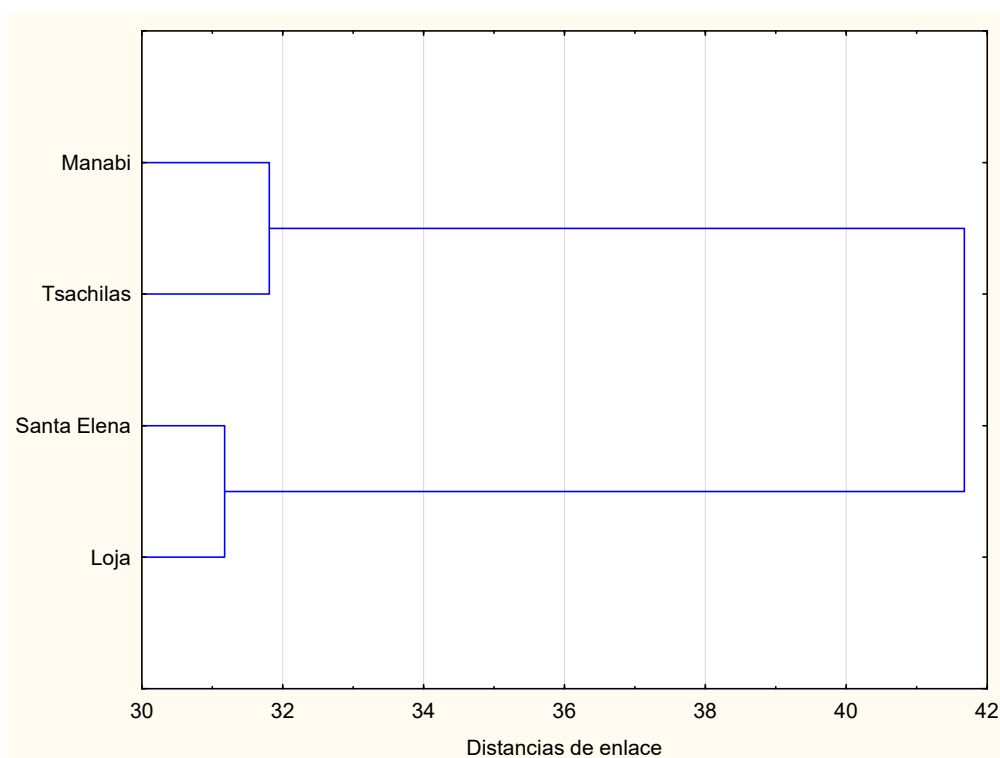


Figura 18.- Árbol de relaciones entre poblaciones bovinas ecuatorianas basadas en las distancias euclidianas individuales de las variables zoométricas.

Como conclusión de este apartado, podríamos afirmar que el GCSE se encuadra dentro de un formato corporal mediano, de tendencia geométrica, de proporciones corporales sublongilíneas y de tipo dolicocefalo, con esqueleto fino en las hembras, lo que confirma su predisposición hacia la producción lechera. Las elevadas diferencias significativas entre sexos tanto para variables como para los índices zoométricos confirman la existencia de un moderado a elevado dimorfismo sexual en la población, lo que sugiere incluso la coexistencia de machos y hembras como dos subpoblaciones que han sido sometidas a diferente gestión genética. Esta situación se justifica por la utilización de sementales con influencia de otras razas mejorantes en comparación al conjunto de hembras en mayor concordancia con las características del ganado criollo.

El uso del análisis discriminante contribuyó a la diferenciación entre las cuatro poblaciones bovinas ecuatorianas, confirmando que el GCSE conforma una población con características zoométricas específicas. Por todo ello, el GCSE podría encuadrarse dentro del conjunto del bovino criollo tropical de doble propósito, proponiendo al sector productor el desarrollo de las actuaciones necesarias para la implementación de un programa de cría moderno en raza pura. Entre ellas, se recomienda abordar la caracterización genética de la población mediante polimorfismos del ADN, lo que permitiría eliminar los ejemplares no compatibles con el prototipo racial con el fin de conformar la base animal con la que se inicie el control genealógico y productivo de la población para así optar al reconocimiento oficial como raza criolla por parte de las administraciones públicas y la puesta en funcionamiento de un programa de desarrollo ganadero que eleve el nivel de competitividad de las explotaciones ganaderas de la raza.

5.2.- Estudio de los caracteres morfológicos y fanerópticos

5.2.1.- Caracterización y variación fenotípica para variables fanerópticas

En la Tabla 30 se presentan los resultados obtenidos sobre las características fanerópticas en el GCSE, donde se observa el predominio de cuernos de tipo proceros (tipo gancho) con una proporción del $87,10 \pm 2,38\%$, seguido de los animales con cuernos de tipo opistoceros (tipo espiral) con el $6,95 \pm 1,80\%$ de los casos. De igual forma esta población se caracteriza por presentar mayoritariamente capas monocolors (80,50%), seguidas del conjunto de capas bicolors (17,00%) y, en menor porcentaje, se presenta la existencia de capas de tipo tricolor (2,50%). Sin embargo, es el color rojo el predominante en la pigmentación base de la capa, con más del 60% de los registros, al sumar los tipos castaño ($37,79 \pm 3,29\%$), bayo ($5,07 \pm 1,49\%$), berrendo en colorado ($5,53 \pm 1,55\%$) y colorado ($11,98 \pm 2,20\%$), mientras que, las capas con color base en blanco, en negro y en jaspeado muestran unas frecuencias de presentación comprendidas entre el 7 y 16% del total. Además, estos animales presentan pigmentación negra intensa en mucosas y pezuñas en una proporción superior al 87% de los casos, seguido a muy larga distancia de los animales con mucosas y pezuñas rosadas ($12,50 \pm 2,34\%$ y $5,50 \pm 1,54\%$).

Por otra parte, se aprecia la existencia de pelo corto y fino con un porcentaje del 100%, así como también ausencia de morrillo o giba y de pliegue umbilical en todos los ejemplares analizados, lo que confirma la escasa influencia de genotipos de origen *bos indicus* en esta población. Por su parte, se confirma la presencia de papada en la totalidad de los animales, aunque ésta es de tipo discontinuo en el 77,21% de los casos, a semejanza de la mayor parte de las razas autóctonas ibéricas adaptadas a climas cálidos, frente a las de tipo continuo que se observan con una frecuencia del 21,86%. Por último, la borla de la cola es generalmente de tipo mediano (87,50%) y en menor medida de tipo pequeño (11,50%).

Al contrastar las variables fanerópticas del GCSE respecto a otras razas criollas iberoamericanas se observa una clara coincidencia en el color rojo como base predominante del pelaje, tanto en el Criollo Manabita (Cevallos, 2017) como raza bovina ecuatoriana de cierta proximidad geográfica, como en otras poblaciones iberoamericanas como el Criollo Patagónico (Martínez et al., 2007), como en el Criollo Uruguayo (Fernández et al., 2001), Criollo Chinampo (Espinoza et al., 2009), Criollo Casanare (Sastre et al., 2010), Criollo de la Sierra de Tarahumara (Rubio-Tabárez y Pérez-Eguía, 2015), o Criollo Colombiano Costeño con Cuernos (Ossa et al., 2011).

De igual manera, la pigmentación de mucosas y pezuñas, el pelo corto y liso, la presencia mayoritaria de papada y la ausencia de giba son también caracteres comunes a las razas anteriormente citadas.

Todos estos caracteres pueden asociarse a la capacidad de adaptación y resistencia que esta población animal presenta en ambientes con altas temperaturas y elevado número de horas anuales de exposición a la luz solar.



Tabla 30. Estadísticos descriptivos de las variables fanerópticas en el ganado bovino de Santa Elena.

Variable	Categoría	P.M (%)	EEPM (%)
Forma de la cuerna	Proceros	87,10	2,38
	Ortoceros	5,95	1,68
	Opistoceros	6,95	1,80
Extensión de la capa	Monocolor	80,50	2,83
	Bicolor	17,00	2,69
	Tricolor	2,50	1,10
Color de la capa	Blanco	16,59	2,53
	Bayo	5,07	1,49
	Colorado	11,98	2,20
	Castaño	37,79	3,29
	Berrendo Colorado	5,53	1,55
	Berrendo Negro	5,99	1,61
	Jaspeado	7,83	1,82
	Negro	9,22	1,96
Pigmentación de las mucosas	Negra	87,50	2,34
	Rosada	12,50	2,34
	Mixta	0,00	0,00
Pigmentación de las pezuñas	Negra	89,00	2,12
	Rosada	5,50	1,54
	Mixta	5,50	1,54
Finura pelo	Fino	100	0,00
	No liso	0	0,00
Longitud de pelo	Corto	100,00	0,00
	No corto	0,00	0,00
Papada	Ausencia	0,00	0,00
	Discontinua	77,21	2,86
	Continua	21,86	2,82
Pliegue umbilical	Presencia	0	0,00
	Ausencia	100	0,00
Borla de la cola	Pequeña	11,50	2,26
	Mediana	87,50	2,34
	Grande	1,00	0,70
P.M.	Proporción media;	EEPM:	Error estándar de la proporción media

5.2.2.- Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas de la cabeza.

Según los resultados expuestos en la Tabla 31, el perfil cefálico recto es el más frecuente con $85,00 \pm 2,52\%$ de los casos, mientras que, en menor medida encontramos animales con perfil cóncavo ($12,00 \pm 2,12\%$) y perfil subconvexo ($5,00 \pm 1,54\%$). El tamaño de las orejas es mediano ($82,50 \pm 2,69\%$), con una orientación mayoritaria de tipo horizontal ($64,50 \pm 3,38\%$). De igual manera, el 87,50% de los animales presenta orbitas marcadas, y el 12,00 % se corresponde con individuos con orbitas poco marcadas.

Tabla 31. Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas de la cabeza en el ganado bovino de Santa Elena

Variable	Categoría	P.M (%)	EEPM
Perfil cefálico	Cóncavo	12,00	2,12
	Recto	85,00	2,52
	Subconvexo	5,00	1,54
Tamaño de las orejas	Pequeñas	0,00	0,00
	Medianas	15,00	2,52
	Grandes	82,50	2,69
Orientación de las orejas	Horizontales	2,50	1,10
	Caídas	64,50	3,38
	Inclinadas	25,00	3,06
Orbitas	Nada marcadas	12,00	2,17
	Poco marcada	0,50	0,45
	Marcadas	87,50	2,30

P.M. Proporción media; EEPM: Error estándar de la proporción media.

Desde el punto de vista comparativo, encontramos resultados análogos a los referidos para la raza Casanare en Colombia por Sastre et al (2010), así como para la raza criolla Manabita (Cevallos, 2017), a excepción del tamaño de las orejas dado que el ganado manabita presenta orejas de tamaño mediano.

5.2.3.- Caracterización y variación fenotípica para variables morfológicas del cuerpo.

En cuanto al resto de variables morfológicas del tronco y extremidades (Tabla 32), esta población presenta un cuello de mediana a corta longitud ($83,50 \pm 2,62\%$ y $14,00 \pm 2,45\%$ respectivamente), ausencia de giba en el 100% de los casos, así como una línea dorsolumbar con tendencia a la rectitud ($85,00 \pm 2,45\%$), con un vientre algo recogido y ventrudo ($89,00 \pm 2,21\%$ y $6,00 \pm 1,68\%$ respectivamente) y una grupa algo inclinada (87,00%). De la misma forma, la posición del nacimiento de la cola se halla en línea en el 88,00% de los casos, mientras que la nalga presenta forma recta en el 79% de los individuos en estudio, así como un 85% de los animales presentan finura de la cola. Además, la población presenta buenos aplomos en el 100% de los casos, con inserción de la ubre normal y firme (97,50%). El tamaño de los pezones ofrece algo más de variabilidad, con pezones de tipo medianos en el 88% de los casos y pezones pequeños en el 7%. Asimismo, se evidencia la uniformidad de pezones en el 100% y ausencia de pezones supernumerarios en un 95%.

Al tratar de realizar un análisis comparativo con otras razas bovinas iberoamericanas, se constata la existencia de escasos trabajos de investigación sobre variables morfológicas de naturaleza cualitativa. De hecho, solo disponemos del estudio de Sastre et al. (2010) para la raza Casanare en Colombia, donde confirmamos la existencia de resultados similares entre ambas poblaciones, a excepción de las variables tamaño del pezón y presencia de pezones supernumerarios donde se constatan importantes diferencias entre dichas razas, y por otra parte, la investigación de Cevallos et al (2017) en el ganado criollo de Manabí (GCM), teniendo en cuenta que en la presente memoria de tesis doctoral se ha realizado un análisis comparativo entre el GCSE y GCM el cual es objeto de un epígrafe específico que será expuesto más adelante.

Tabla 32. Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas del cuerpo en el ganado bovino de Santa Elena.

Variable	Categoría	P.M (%)	EEPM
Longitud de cuello	Corto	14,00	2,45
	Mediano	83,50	2,62
	Largo	2,50	1,10
Giba	Presencia	0	0,00
	Ausencia	100	0,00
Línea dorsolumbar	Recta	85,00	2,45
	Poco ensillada	12,50	2,62
	Muy ensillada	2,50	1,10
Ventre	Muy recogido	5,00	1,54
	Algo recogido	89,00	2,21
Inclinación grupa	Horizontal	6,00	1,68
	Algo inclinada	7,50	1,86
	Muy inclinada	87,00	2,42
Posición nacimiento cola	Alto	6,00	1,68
	En Línea	10,00	2,12
	Entre isquiones	88,00	2,30
Forma de la nalga	Cóncavas	10,50	2,17
	Recta	79,00	2,88
	Suavemente convexa	5,00	1,54
	Convexa	5,50	1,61
Finura cola	Fina	85,00	2,52
	Mediana	2,50	1,10
	Gruesa	12,50	2,34
Aplomos	Buenos	97,50	1,10
	Presencia de defectos	2,50	1,10
Tamaño ubre	Pequeña	10,00	2,12
	Mediana	89,00	2,21
	Grande	1,00	0,70
Simetría ubre	Simétricas	99,50	0,50
	No simétricas	0,50	0,50
Inserción ubre	Mala pendulosa	2,50	1,10
	Normal y firme	97,50	1,10
Tamaño de los pezones	Pequeños	7,00	1,80
	Medianos	88,00	2,30
	Largos	5,00	1,54
Uniformidad pezones	Uniformes	100,00	0,00
	No uniformes	0,00	0,00
Pezones supernumerarios	Ausencia	95,00	1,54
	Presencia	5,00	1,54

P.M. Proporción media; EEPM: Error estándar de la proporción media.

5.2.4.- Estudio faneróptico comparativo entre poblaciones bovinas ecuatorianas

En la Tabla 33 se muestran los resultados obtenidos en la prueba de Chi-cuadrado para las variables cualitativas entre las poblaciones bovinas de GCSE y Criollo Manabita.

Tabla 33. Análisis comparativo para variables cualitativas entre GCSE y Criollo Manabita mediante prueba Chi-cuadrado

Variables	Valor observado	Valor teórico según grado de libertad	Nivel significación
Perfil cefálico	1,68	5,99	ns
Forma de la cuerna	51,74	26,12	0,001
Tamaño orejas	26,73	13,81	0,001
Dirección orejas	119,76	13,81	0,001
Orbitas	13,27	9,21	0,01
Longitud cuello	52,54	13,81	0,001
Línea dorsolumbar	30,16	13,81	0,001
Inclinación grupa	11,45	9,21	0,01
Nacimiento cola	22,75	13,81	0,001
Forma nalga	39,63	16,26	0,001
Finura cola	26,08	13,81	0,001
Borla	54,14	13,81	0,001
Aplomos	3,48	5,99	ns
Inserción Ubre	0,00	5,99	ns
Simetría de la ubre	0,83	3,84	ns
Tamaño de ubre	555,14	13,81	0,001
Tamaño pezones	59,10	13,81	0,001
Uniformidad pezones	0,00	3,84	ns
Pezones supernumerarios	3,00	3,84	ns
Vientre	7,54	5,99	0,05
Papada	4,82	5,99	ns
Pliegue umbal	0,00	3,84	ns
Giba	0,00	3,84	ns
Longitud pelo	0,00	5,99	ns
Finura de pelo	0,00	5,99	ns
Colores pelo	0,36	5,99	ns
Pigmentación mucosas	8,55	5,99	ns
Pigmentación pezuñas	4,66	5,99	ns
Color de la capa	99,14	24,32	0,001

El análisis comparativo de las variables fanerópticas entre el GCSE y el GCM informa de la existencia de diferencias significativas solo en dos de las diez variables analizadas entre ambas razas, es decir, en la forma de la cuerna y en el color de la capa, siendo éstas diferencias altamente significativas, mientras que se constata no significación u homogeneidad estadística en las variables presencia de la cuerna, papada, pliegue umbilical, giba, longitud del pelo, finura del pelo, pigmentación de las mucosas y pigmentación de las pezuñas.

Asimismo, también se evidencian diferencias estadísticas en la mayor parte de las variables morfológicas de la cabeza, siendo más acusadas en el tamaño y dirección de las orejas, como valores $p < 0,001$, mientras que la variable del perfil cefálico es la única donde se manifiesta la homogeneidad estadística.

Por su parte, en relación a las variables morfológicas de la cabeza, se observa que en siete de ellas existen diferencias significativas entre ambas poblaciones, excepto en dos de las variables como es el caso de la presencia/ausencia de giba y tipo de aplomos.

Finalmente, al comparar las variables específicas de la ubre, se evidencia que cuatro de estas variables se muestran no significativas entre dichas razas, resultando diferencias estadísticamente significativas sólo para las variables relativas al tamaño de la ubre y el tamaño de los pezones.

Por todo lo anterior, se concluye una clara diferenciación entre ambas razas al encontrar diferencias significativas en la mayor parte de las variables (16), especialmente en el caso de la morfología de la cabeza como región corporal que informa de la definición racial.

5.3.- Caracterización genética.

5.3.1 Diversidad genética intraracial.

5.3.1.1. Número de alelos y frecuencias alélicas del GCSE.

Los microsatélites estudiados mostraron un alto grado de polimorfismo genético (Tabla 34), detectándose 246 alelos en los 28 *loci* de los 53 animales estudiados, lo que corresponde a un promedio de 8,78 alelos por locus, parámetro que indica, en cierta manera, la variabilidad genética de la población y, en este caso, se considera un valor elevado. El número de alelos por locus varió desde un mínimo de 4 alelos, correspondiente al locus INRA63, hasta un máximo de 13 alelos hallados para los loci BM1314 y TGLA053. Por su parte, más del 64% de los loci (18 de 28) presentó 8 o más alelos. Por su parte, el número efectivo de alelos (4,33) se mostró sensiblemente inferior al número medio de alelos de dicha población.

Recientemente, la caracterización genética del ganado criollo de Manabí en Ecuador (Cevallos, 2017) reportó una elevada variabilidad genética en dicha población, si bien no alcanzó cotas tan altas como el GCSE, dado que presentó un promedio de 8,18 alelos por locus, así como un 60% de los loci con 8 o más alelos. Sin embargo, el número efectivo de alelos (4,48) tuvo un comportamiento ligeramente mejor.

El número promedio de alelos en GCSE es superior al valor de 8,2 de la raza Criolla de Brasil (Steigleder *et al.* 2004), al valor de 8,14 reportado para la raza Limonero de Venezuela (Villasmil *et al.*, 2008) y a los 8,11 alelos descritos para el Pampa Chaqueño en Paraguay (Delgado *et al.*, 2011). De la misma forma, nuestros resultados son claramente superiores a los valores reportados para las otras razas criollas: Texas Longhorn (8,05) en Estados Unidos; Siboney (8,05) en Cuba; Casanareño (8,00) en Colombia; Criollo de Chiapas (7,84) en México; Guaymí (7,79) en Panamá; Hartón del Valle (7,74) en Colombia; Criollo de Nayarit (7,74) en México; Criollo Cubano (7,58); Caqueteño (7,58) en Colombia; Pilcomayo en Paraguay (7,53); Chino

Santandereano (7,32) en Colombia; Criollo de Baja California (7,05) en México; Velásquez (6,79) en Colombia; Cararú (6,74) en Brasil; Criollo de Chihuahua (6,68) en México; Lucerna (6,63) en Colombia; Criollo ecuatoriano (6,63); Sanmartienero (6,37) en Colombia; Criollo Argentino (6,26) en Argentina; Guabalá (5,79) en Panamá; Blanco Orejinegro (5,74) en Colombia; Criollo Uruguayo (5,63) en el país del que recibe el nombre Criollo Patagónico (5,32) en Argentina; Costeño con Cuernos (5,26) y Romosinuano (5,11) en Colombia; de acuerdo a los resultados expuestos por Delgado et al. (2011).

De igual forma, este valor del número promedio de alelos en GCSE también es superior a los 5,63 reportados para la raza panameña Guabalá en otros estudios (Villalobos *et al.* 2009), además a otros valores entre 6,6 y 7,8 reportados para las razas criolla Argentina y otras poblaciones criollas bolivianas (Lirón *et al.* 2006). Por su parte, también muestra mayor número promedio de alelos respecto al Criollo Patagónico (7,60) de Chile (Piñeira et al, 2011); al Criollo Lechero (8,09) de República Dominicana (Bethancourt y Toribio, 2013), así como al Criollo Poblano (8,37) y Criollo Lechero Tropical (7,37) de México (Canales et al, 2014).

Por otro lado, las únicas poblaciones con una riqueza alélica mayor al GCSE se encuentran en poblaciones criollas costarricenses, según se desprende de un estudio sobre diversidad genética entre 16 subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica, utilizando como base el análisis de 18 marcadores microsatélites 1.412 muestras de ADN bovino de todo el país. El número promedio de alelos por locus dentro de las poblaciones criollas fue de 9, 10 y 11 para Criolla para leche, para carne y de doble propósito, respectivamente (Martínez et al, 2015).

En un análisis comparativo de nuestros resultados respecto a las razas bovinas autóctonas españolas, la población GCSE muestra valores superiores a los reportados por Cañón et al (2011) para las razas: Sanabresa (6,9); Asturiana de la Montaña (6,6); Asturiana de los Valles (7,0); Avileña Negra-Ibérica (6,9); Bruna de los Pirineos (7,1); Sayaguesa (6,4; y Tudanca (6,8); así

como a los recopilados por Avilés (2012) en las razas Berrenda en Colorado (7,38), Berrenda en Negro (4,89), Canaria (7,04), Negra Andaluza (5,96), Pajuna (7,16), Palmera (5,07) y Retinta (6,07). Del mismo modo, los valores de GCSE se muestran ligeramente superiores a los publicados para la raza Marismeña (8,74) por Martínez et al. (2005). Por el contrario, el ganado de lidia (9,8) es la única raza autóctona española con más variabilidad genética que GCSE, según Cortés (2008).

En otro orden de cosas, el GCSE muestra mayor variabilidad en número promedio de alelos en comparación con las razas europeas, ya sean las poblaciones Aubrac, Gasconne y Salers, en Francia; así como las poblaciones Alentejana, Barrosa, Maronesa, Mertolenga y Mirandesa en Portugal, según el estudio de Cañón et al. (2001), al presentar valores comprendidos entre 5,5 y 7,2. Por su parte, Avilés (2012), refiere también valores muy bajos para poblaciones cosmopolitas como las razas Frisona (5,41) y Hereford (4,85).

El promedio de alelos hallado indica que los bovinos criollos de la provincia de Santa Elena de Ecuador muestran una diversidad genética alta. Esto confirma que los todos los microsatélites utilizados en nuestro estudio muestran una importante utilidad para la realización de estudios de caracterización genética de poblaciones bovinas, y que es de gran interés para detectar variabilidad genética dentro de poblaciones, dado el adecuado comportamiento en GCSE, en consonancia con las recomendaciones de los organismos internacionales, dadas sus expectativas en términos de información polimórfica.

Tabla 34.- Frecuencias alélicas de 28 microsatélites en el ganado bovino de Santa Elena.

<i>LOCUS/ ALELO</i>	<i>FA</i>	<i>LOCUS/ ALELO</i>	<i>FA</i>	<i>LOCUS/ ALELO</i>	<i>FA</i>	<i>LOCUS/ ALELO</i>	<i>FA</i>	<i>LOCUS/ ALELO</i>	<i>FA</i>
BM1314		ETH10		HEL9		INRA63		TLGA227	
1	26,42	1	3,06	1	5,66	1	20,75	1	16,00
2	0,94	2	11,22	2	0,94	2	27,36	2	1,00
3	1,89	3	15,31	3	4,72	3	8,49	3	3,00
4	0,94	4	12,24	4	12,26	4	43,40	4	7,00
5	1,89	5	7,14	5	15,09	MM12		5	1,00
6	0,94	6	8,16	6	39,62	1	1,96	6	2,00
7	0,94	7	32,65	7	1,89	2	4,90	7	13,00
8	22,64	8	6,12	8	1,89	3	8,82	8	10,00
9	18,87	9	3,06	9	16,98	4	7,84	9	29,00
10	12,26	10	1,02	10	0,94	5	31,37	10	16,00
11	0,94	ETH185		ILSTS006		6	19,61	11	2,00
12	1,89	1	2,44	1	9,80	7	4,90	CSSM66	
13	9,43	2	9,76	2	0,98	8	3,92	1	6,25
BM1818		3	13,41	3	35,29	9	0,98	2	22,92
1	15,09	4	4,88	4	18,63	10	14,71	3	11,46
2	7,55	5	1,22	5	33,33	11	0,98	4	2,08
3	17,92	6	18,29	6	0,98	SPS115		5	2,08
4	26,42	7	48,78	7	0,98	1	0,94	6	20,83
5	30,19	8	1,22	ILSTS011		2	1,89	7	13,54
6	1,89	ETH225		1	4,00	3	2,83	8	4,17
7	0,94	1	1,89	2	14,00	4	56,60	9	4,17
BM1824		2	6,60	3	24,00	5	2,83	10	12,50
1	6,60	3	4,72	4	24,00	6	22,64	HAUT27	
2	27,36	4	13,21	5	28,00	7	4,72	1	0,94
3	49,06	5	14,15	6	6,00	8	4,72	2	0,94
4	7,55	6	12,26	INRA23		9	0,94	3	0,94
5	1,89	7	14,15	1	18,27	10	0,94	4	6,60
6	5,66	8	3,77	2	9,62	11	0,94	5	1,89
7	1,89	9	28,30	3	0,96	TGLA053		6	8,49
BM2113		10	0,94	4	5,77	1	2,83	7	46,23
1	3,77	ETH3		5	30,77	2	8,49	8	19,81
2	2,83	1	15,63	6	2,88	3	5,66	9	5,66
3	1,89	2	3,13	7	29,81	4	0,94	10	8,49
4	6,60	3	37,50	8	1,92	5	34,91	INRA35	
5	6,60	4	23,96	INRA32		6	7,55	1	25,00
6	8,49	5	10,42	1	5,32	7	10,38	2	31,25
7	52,83	6	2,08	2	9,57	8	0,94	3	1,04
8	13,21	7	1,04	3	1,06	9	21,70	4	17,71
9	3,77	8	6,25	4	7,45	10	1,89	5	16,67
BM8125		HAUT24		5	5,32	11	2,83	6	1,04
1	1,89	1	19,05	6	40,43	12	0,94	7	3,13
2	2,83	2	4,76	7	9,57	13	0,94	8	1,04
3	41,51	3	4,76	8	19,15	TGLA122		9	1,04
4	9,43	4	16,67	9	1,06	1	1,02	10	2,08
5	35,85	5	23,81	10	1,06	2	12,24	HEL13	
6	4,72	6	5,95	TGLA126		3	2,04	1	21,15
7	3,77	7	10,71	1	1,96	4	6,12	2	4,81
CRSM60		8	14,29	2	41,18	5	8,16	3	9,62
1	0,98	INRA37		3	10,78	6	14,29	4	14,42
2	27,45	1	3,77	4	12,75	7	42,86	5	2,88
3	11,76	2	8,49	5	24,51	8	11,22	6	39,42
4	2,94	3	5,66	6	7,84	9	1,02	7	2,88
5	0,98	4	9,43	7	0,98	10	1,02	8	4,81
6	42,16	5	10,38						
7	13,73	6	62,26						

5.3.1.2. Heterocigosidad esperada (He), Heterocigosidad observada (Ho) y Contenido de Información Polimórfica (PIC).

En la Tabla 35 se encuentran los valores obtenidos de Heterocigosidad esperada (He), Heterocigosidad observada (Ho), Contenido de Información Polimórfica (PIC), los valores del estadístico F_{is} con sus desviaciones estándar y los marcadores desviados del equilibrio Hardy-Weinberg.

El rango de valores de Heterocigosidad esperada (He) osciló entre 0,586 a 0,858, siendo el valor más bajo para el microsatélite INRA37 y el más alto para el microsatélite CSSM66. El valor promedio en la población ascendió a 0,760. Así las cosas, al comparar nuestros resultados de He con los valores publicados en otras razas criollas iberoamericanas, encontramos que nuestros datos son superiores en algunos casos: Guaymí (0,756) en Panamá; Texas Longhorn (0,740) en Estados Unidos; Sanmartinero (0,721) y Lucerna (0,717) en Colombia; Cararú (0,711) en Brasil; Blanco Orejinegro (0,697) en Colombia; Criollo Argentino (0,678) en Argentina; Criollo Uruguayo (0,674) en el país del que recibe el nombre; Costeño con Cuernos (0,671) en Colombia; Criollo Patagónico (0,670) en Argentina; Romosinuano (0,669) en Colombia; y Guabalá (0,660) en Panamá, según los resultados de Delgado et al. (2011).

De la misma forma, las razas criollas que muestran valores de He superiores a los nuestros son: Criollo de Nayarit (0,788) en México; Caqueteño (0,787) y Hartón del Valle (0,783) en Colombia; Criollo de Chiapas (0,782) y Criollo de Chihuahua (0,777) en México; Chino Santandereano (0,776) en Colombia; Criollo Poblano (0,774) en México; Criollo ecuatoriano (0,772) en el país del que recibe el nombre; Pampa Chaqueño (0,771) y Pilcomayo (0,769) en Paraguay; Velasquez (0,769) y Casanareño (0,766) en Colombia; Siboney (0,762) y Criollo Cubano (0,761) en Cuba, según los datos de Delgado et al. (2011).

Asimismo, encontramos idéntico valor de H_e en el caso del Criollo de Baja California en México (0,760), según los datos publicados por Delgado et al. (2011).

En cuanto al rango de valores de Heterocigosidad observada (H_o), éste varió entre 0,472 a 0,854, siendo el valor más bajo para el microsatélite *INRA37* y el más alto para el microsatélite *CSSM66*. El valor promedio en la población ascendió a 0,671. Este resultado se muestra claramente inferior al reportado por Cevallos (2017) para el GCM (0,728) como raza ecuatoriana geográficamente muy próxima

En cualquier caso, si comparamos nuestros resultados de H_o con los valores publicados en otras razas criollas iberoamericanas, encontramos que nuestros datos son inferiores a buena parte de dichas poblaciones: Pilcomayo (0,764) y Pampa Chaqueño (0,750) en Paraguay; Criollo de Nayarit (0,749) en México, Siboney (0,746) en Cuba; Criollo de Baja California (0,742) y Criollo de Chiapas (0,741) en México; Guaymí (0,735) en Panamá; Cararú (0,733) en Brasil; Casanareño (0,739) y Blanco Orejinegro (0,737) en Colombia; Criollo ecuatoriano (0,732); Velasquez (0,730) y Chino Santandereano (0,726) en Colombia; Criollo de Chihuahua (0,719) en México; Texas Longhorn (0,707) en Estados Unidos; Criollo Poblano (0,693) en México; Costeño con Cuernos (0,692), Sanmartinero (0,692) y Lucerna (0,673) en Colombia; Criollo Argentino (0,673) en Argentina. Del mismo modo, las razas Criollo Cubano (0,793), así como Caqueteño (0,780) y Hartón del Valle (0,783) en Colombia, muestran mayores valores de H_o respecto al GCSE.

Por su parte, encontramos que nuestros resultados son superiores a las siguientes razas del ámbito iberoamericano: Criollo Uruguayo (0,668) en el país del que recibe el nombre, Romosinuano (0,651) en Colombia; Criollo Patagónico (0,629) en Argentina; y Guabalá (0,629) en Panamá, según los resultados de Delgado et al. (2011).

De igual forma, observamos que nuestros resultados de H_o son superiores a los de gran parte de razas autóctonas españolas: Asturiana de los Valles (0,656); Sayaguesa (0,654); Asturiana de la Montaña (0,652); Morucha (0,640); Alistana Sanabresa (0,629); Bruna del Pirineus (0,619); Retinta (0,614); Tudanca (0,596); Avileña Negra-Ibérica (0,589) y Pirenaica (0,543); según Cañón et al. (2001), o bien en las razas Vaca Canaria (0,6662); Negra Andaluza (0,6323), Vaca Palmera (0,5909) y Berrenda en Negro (0,5524); según datos referidos por Avilés (2012). Por el contrario, nuestros resultados son inferiores a los de las siguientes razas: Retinta (0,7100); Marismeña (0,6921); Berrenda en Colorado (0,6897); Pajuna (0,6812); según los datos reportados por Avilés (2012). En la misma situación hallamos valores en la raza de Lidia (0,52), según Cortés (2008), así como en razas autóctonas portuguesas: Alentejana (0,622); Barrosã (0,716); Maronesa (0,635); Mertolenga (0,626); y Mirandesa (0,625±0.037), atendiendo a Cañón et al. (2001). Igualmente, estos mismos autores también encontraron valores menores al GCSE en razas francesas: Aubrac (0,569); Gasconne (0,630); y Salers (0,580). Por último, esta misma situación se constata también en razas cosmopolitas como la Hereford (0,6563), según Avilés (2012).

La proporción de individuos heterocigotos presentes o heterocigosidad es otra manera de apreciar la diversidad genética y, en el caso del GCSE, los valores de H_e y H_o indican la existencia de una diversidad genética alta en esta población.

Tabla 35.- Microsatélites analizados, número de alelos detectados, Número efectivo de alelos (Ae), Heterocigosidades esperada incesgada (He) y observada (Ho), Contenido de Información Polimórfica (PIC), valores de Fis, su intervalo de confianza y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE_d).

Microsatélite	Nº Alelos	Ae	He	Ho	PIC	F _{IS}	F _{IS} IC	HWE _d
BM1314	13	5,49	0,826	0,717	0,794	0,133	(-0,00948-0,26696)	ND
BM1818	7	4,51	0,785	0,717	0,744	0,088	(-0,07393-0,22802)	ND
BM1824	7	3,04	0,677	0,642	0,626	0,053	(-0,13798-0,22766)	NS
BM2113	9	3,16	0,690	0,642	0,662	0,071	(-0,04568-0,15498)	NS
BM8125	7	3,18	0,692	0,509	0,633	0,266	(0,05201-0,45001)	NS
CRSM60	7	3,49	0,720	0,647	0,669	0,103	(-0,06535-0,26270)	NS
CSSM66	10	6,61	0,858	0,854	0,831	0,004	(-0,12523-0,12525)	ND
ETH10	10	5,71	0,833	0,735	0,807	0,119	(-0,03249-0,24639)	NS
ETH185	8	3,31	0,706	0,610	0,665	0,138	(-0,05359-0,31173)	NS
ETH225	10	6,21	0,847	0,660	0,821	0,222	(0,06203-0,36828)	ND
ETH3	8	4,19	0,769	0,729	0,728	0,053	(-0,10167-0,21175)	NS
HAUT24	8	6,22	0,849	0,667	0,819	0,217	(0,04048-0,38430)	ND
HAUT27	10	3,63	0,731	0,623	0,696	0,150	(-0,00483-0,30395)	NS
HEL13	8	4,23	0,771	0,769	0,734	0,002	(-0,16231-0,15997)	NS
HEL9	10	4,35	0,777	0,755	0,743	0,029	(-0,09025-0,13924)	NS
ILSTS006	7	3,57	0,727	0,686	0,670	0,056	(-0,15228-0,22458)	NS
ILSTS011	6	4,58	0,789	0,740	0,747	0,063	(-0,11138-0,22655)	ND
INRA23	8	4,33	0,777	0,750	0,734	0,035	(-0,10395-0,16191)	ND
INRA32	10	4,35	0,778	0,723	0,745	0,071	(-0,08155-0,21434)	NS
INRA35	10	4,52	0,787	0,625	0,745	0,208	(0,03204-0,35714)	ND
INRA37	6	2,39	0,586	0,472	0,556	0,197	(0,00528-0,35234)	NS
INRA63	4	3,19	0,693	0,585	0,631	0,157	(-0,01629-0,32922)	NS
MM12	11	5,58	0,829	0,863	0,800	-0,041	(-0,14286-0,04807)	NS
SPS115	11	2,64	0,627	0,509	0,584	0,190	(-0,01904-0,37070)	NS
TGLA053	13	5,05	0,810	0,698	0,780	0,139	(-0,02217-0,28476)	NS
TGLA122	10	4,12	0,765	0,673	0,733	0,121	(-0,03608-0,26753)	NS
TGLA126	7	3,79	0,743	0,549	0,699	0,263	(0,05405-0,44167)	NS
TLGA227	11	5,92	0,839	0,640	0,811	0,239	(0,06693-0,38239)	ND
Media	8,79	4,33	0,760	0,671	0,722	0,118	(0,06823-0,14942)	

NS: No significativo; ND: No determinado

Respecto a PIC, todos los microsatélites analizados se consideran muy informativos al rebasar claramente el valor de 0,5 en los todos los casos. De hecho, los resultados reflejan un grado de variación que oscila entre un valor mínimo de 0,556 para el microsatélite INRA37, y un valor máximo de 0,831 para el microsatélite CSSM66, destacando el valor promedio de 0,722 para el conjunto de la población de GCSE. Tras la corrección de Bonferroni, ningún marcador está desequilibrado significativamente del Equilibrio de Hardy-Weinberg en esta población. De los 28 microsatélites analizados, 7 detectan un exceso significativo de homocigotos (BM8125, ETH225, HAUT24, INRA35, INRA37, TGLA126 y TGLA227). El resto de los microsatélites muestran valores no significativamente diferentes de 0.

Por todo lo anterior, se puede concluir que el GCSE presenta una elevada diversidad genética intraracial, con valores de diversidad genética superiores a los de otras razas bovinas criollas iberoamericanas, autóctonas españolas, razas europeas y otras razas cosmopolitas. Todo ello conduce a considerar que el perfil genético del GCSE es compatible con una raza en fase de consolidación, con una gran dinámica fundacional, la cual se encuentra libre de cruzamientos recientes, y sometida a cierta deriva genética y a una escasa selección artificial.

5.3.1.3.- Equilibrio Hardy –Weinberg

El valor de F_{IS} con un intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestreos es de 0,118 (0,06823-0,14942), lo que indica que la población muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg producida por un exceso significativo de homocigotos. Este resultado podría indicar cierta inestabilidad genética, pudiendo admitir que las fuerzas responsables de la desviación del equilibrio obedecen a la existencia de ciertos cruzamientos, probablemente derivados de la introducción de sementales “mejorantes” con el fin de alcanzar una mejora productiva por la vía rápida del cruzamiento sin

esperar a la organización del sustrato de la mejora de la población desde el punto de vista del diseño, desarrollo e implantación de un programa de mejora genética en raza pura.

A la vista de los resultados encontrados, se puede concluir que los bovinos GCSE presentan una elevada diversidad genética intra-racial, con valores de diversidad genética en relación a otras investigaciones realizadas por Cañón et al. (2001), Quiroz (2008), Cortés (2008), Delgado et al. (2011), Ginja et al. (2013) y Martínez et al. (2015), entre otros.

5.3.2.- Diversidad genética interracial, relaciones con otras razas

5.3.2.1.- Análisis multidimensionales.

Los resultados del Análisis Factorial de Correspondencia (Figura 19, apartados A y B) muestran que GCSE se posiciona más próximo a las razas criollas y europeas que a las poblaciones cebuinas (rodeadas por una línea azul). Por otra parte, cuando se eliminan las razas cebuinas para apreciar mejor la distribución del resto de las razas del estudio, se observa que GCSE se posiciona más próxima a las otras razas criollas que a las europeas (Figura 19, apartados C y D). En ese sentido, llama la atención la gran dispersión mostrada por las poblaciones de las cuatro provincias de Ecuador analizadas, a pesar de mantener unas distancias genéticas muy próximas entre ellas. En cualquier caso, se constata el paralelismo de nuestros resultados a los obtenidos para GCM por Cevallos (2017).

5.3.2.2.- Distancias genéticas

La matriz de distancias genéticas D_A y los valores de F_{ST} entre pares de poblaciones están recogidos en la Tabla 36, de manera que los valores D_A se muestran por debajo de la diagonal, así como los valores de F_{ST} se sitúan por encima de la diagonal. En cualquier caso, cabe indicar que los valores del

GCSE están resaltados en negrita respecto al resto de poblaciones. En líneas generales se constata la mayor proximidad del GCSE con el resto de poblaciones bovinas criollas ecuatorianas y demás razas criollas de países limítrofes como Colombia y Panamá, lo que se justificaría con la hipótesis sobre la entrada de la especie bovina en Ecuador a través de la línea migratoria procedente de Puerto Colón en Panamá y Cartagena de Indias en Colombia, es decir, el solar geográfico donde partieron las expediciones que poblaron las regiones de costa del Pacífico. Este patrón de distancias genéticas presenta un recorrido paralelo al reflejado por Cevallos (2017) para el ganado criollo manabita (GCM), lo que podría orienta a este criterio geoevolutivo como un modelo común para las razas bovinas de esta región iberoamericana, dado que la distancia más baja encontrada (0,052) es la existente entre el GCSE y el GCM. Esta hipótesis podría ser confirmada mediante la aplicación de un estudio comparativo a todas las poblaciones bovinas criollas existentes en esta área.

Del mismo modo, en un segundo nivel se sitúan los valores de las distancias genéticas obtenidas con las razas autóctonas españolas, lo que resulta evidente teniendo en cuenta que dichas poblaciones ancestrales participaron en la colonización bovina de América, destacando la menor distancia encontrada con la raza Berrenda en Colorado.

Por otro lado, podría considerarse que la influencia ejercida por el resto de razas bovinas europeas sobre el GCSE es insignificante, al apreciar los elevados valores de distancias genéticas halladas, lo que conlleva el escaso aporte genético de dichos grupos raciales al GCSE.

Finalmente, los resultados obtenidos también nos indican que la introducción de distintas poblaciones cebuínas a las regiones tropicales iberoamericanas, especialmente en los dos últimos siglos, no ha afectado a la población del GCSE, dado que no se ha detectado incorporación de genes por su especialización cárnica o láctea en la población estudiada.

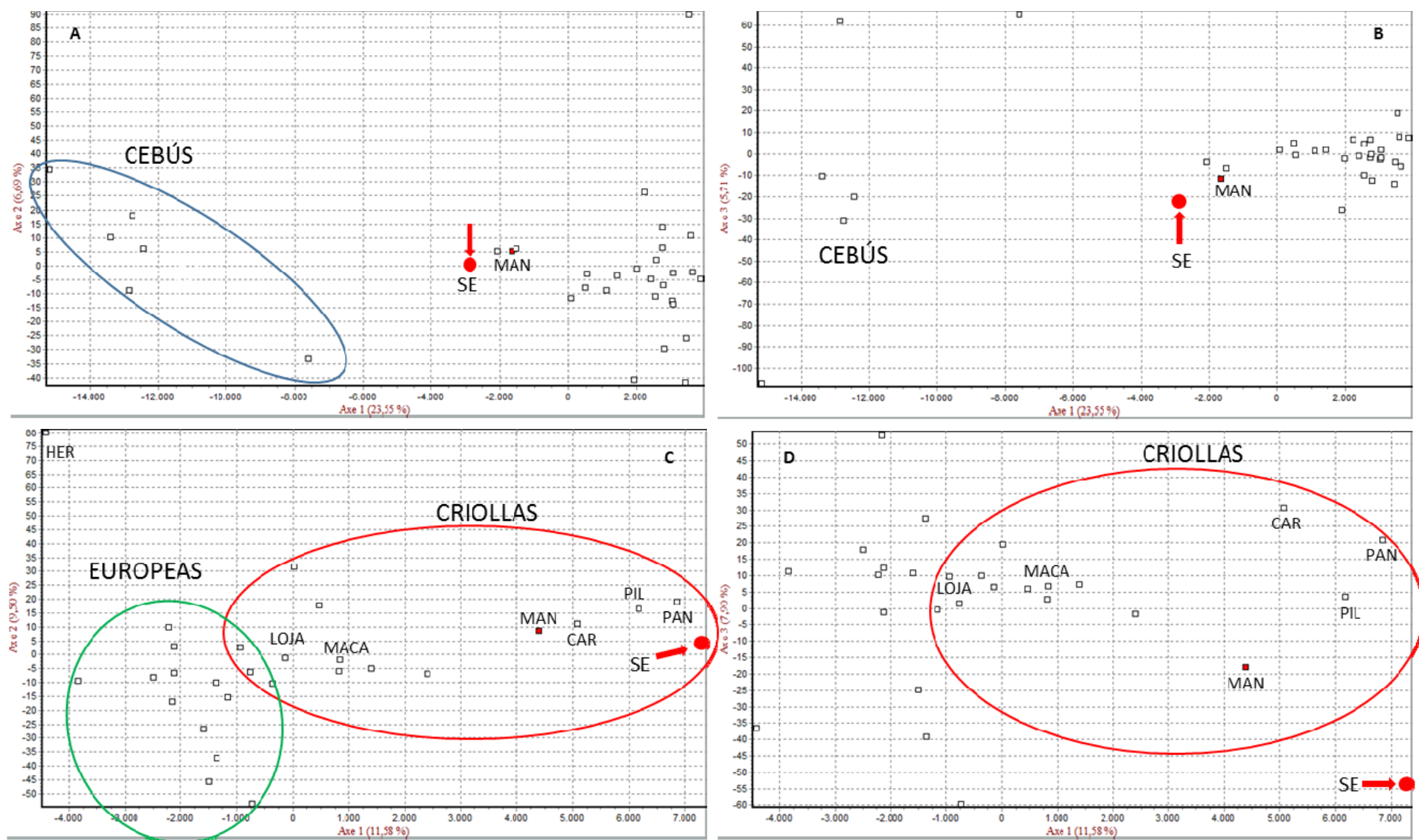


Figura 19. Análisis Factorial de Correspondencia entre el ganado de doble propósito de la provincia de Santa Elena y otras 33 razas bovinas analizadas.

Tabla 36.- Distancias genéticas D_A (debajo de la diagonal) y de F_{ST} (encima de la diagonal) entre pares de poblaciones.

	MAN	SE	LOJA	MACA	TLH	CLT	GY	BON	HV	CAR	PAN	CUR	PIL	CARG	RET	AVI	RGA	BC	MAR	PAJ	NAN	VCA	PAL	HER	BWS	CHAR	HOL	LIM	EASZ	GYR	BRH	SIN	GUZ	NEL
MAN	0,000	0,052	0,061	0,067	0,063	0,084	0,059	0,079	0,039	0,079	0,071	0,100	0,054	0,108	0,067	0,087	0,087	0,040	0,114	0,067	0,089	0,057	0,140	0,098	0,066	0,107	0,088	0,074	0,088	0,143	0,116	0,128	0,144	0,142
SE	0,142	0,000	0,070	0,088	0,081	0,105	0,070	0,104	0,067	0,080	0,076	0,128	0,052	0,108	0,075	0,101	0,100	0,065	0,142	0,086	0,107	0,082	0,150	0,109	0,112	0,128	0,125	0,105	0,094	0,121	0,104	0,113	0,127	0,136
LOJA	0,183	0,179	0,000	0,045	0,047	0,035	0,047	0,067	0,021	0,066	0,068	0,080	0,056	0,099	0,057	0,068	0,074	0,029	0,112	0,046	0,065	0,047	0,116	0,078	0,066	0,074	0,048	0,048	0,101	0,180	0,154	0,168	0,181	0,178
MACA	0,195	0,216	0,137	0,000	0,071	0,077	0,060	0,070	0,036	0,084	0,080	0,121	0,070	0,106	0,088	0,104	0,101	0,053	0,118	0,070	0,093	0,061	0,161	0,100	0,070	0,095	0,076	0,065	0,128	0,201	0,172	0,171	0,213	0,195
TLH	0,177	0,194	0,145	0,171	0,000	0,078	0,044	0,069	0,041	0,088	0,066	0,090	0,051	0,083	0,072	0,067	0,084	0,041	0,107	0,051	0,068	0,058	0,143	0,106	0,073	0,078	0,073	0,057	0,115	0,181	0,149	0,173	0,178	0,162
CLT	0,227	0,250	0,115	0,192	0,188	0,000	0,067	0,073	0,037	0,087	0,078	0,109	0,080	0,123	0,077	0,092	0,095	0,045	0,131	0,069	0,088	0,061	0,156	0,099	0,081	0,081	0,070	0,066	0,128	0,218	0,189	0,205	0,217	0,210
GY	0,179	0,178	0,150	0,152	0,129	0,187	0,000	0,070	0,034	0,065	0,048	0,103	0,052	0,102	0,063	0,063	0,065	0,035	0,106	0,050	0,060	0,049	0,153	0,104	0,080	0,092	0,063	0,056	0,087	0,171	0,125	0,151	0,165	0,153
BON	0,232	0,253	0,177	0,161	0,165	0,188	0,185	0,000	0,042	0,087	0,095	0,104	0,073	0,096	0,082	0,081	0,099	0,046	0,134	0,055	0,082	0,063	0,168	0,125	0,097	0,093	0,077	0,077	0,133	0,231	0,199	0,223	0,236	0,215
HV	0,183	0,193	0,104	0,127	0,135	0,152	0,131	0,150	0,000	0,062	0,051	0,077	0,039	0,089	0,049	0,057	0,067	0,018	0,107	0,034	0,049	0,033	0,127	0,078	0,045	0,057	0,040	0,035	0,082	0,170	0,130	0,144	0,166	0,152
CAR	0,210	0,211	0,164	0,193	0,190	0,201	0,169	0,198	0,175	0,000	0,057	0,108	0,064	0,090	0,089	0,093	0,087	0,053	0,142	0,080	0,080	0,071	0,146	0,114	0,110	0,105	0,097	0,084	0,117	0,191	0,167	0,176	0,180	0,175
PAN	0,183	0,199	0,177	0,183	0,177	0,206	0,147	0,243	0,165	0,144	0,000	0,098	0,042	0,090	0,087	0,092	0,095	0,053	0,145	0,072	0,080	0,070	0,149	0,114	0,090	0,110	0,096	0,076	0,098	0,146	0,120	0,135	0,137	0,140
CUR	0,242	0,283	0,180	0,236	0,179	0,215	0,197	0,191	0,200	0,226	0,226	0,000	0,075	0,097	0,118	0,131	0,135	0,075	0,187	0,089	0,120	0,093	0,146	0,111	0,109	0,132	0,103	0,107	0,141	0,234	0,192	0,208	0,225	0,212
PIL	0,175	0,171	0,168	0,188	0,164	0,206	0,158	0,196	0,148	0,157	0,133	0,192	0,000	0,065	0,086	0,088	0,098	0,037	0,117	0,060	0,079	0,063	0,148	0,102	0,082	0,088	0,096	0,067	0,081	0,138	0,104	0,114	0,141	0,122
CARG	0,228	0,240	0,180	0,200	0,153	0,216	0,191	0,166	0,180	0,180	0,209	0,149	0,150	0,000	0,110	0,108	0,105	0,069	0,157	0,080	0,095	0,100	0,183	0,116	0,097	0,118	0,126	0,090	0,160	0,232	0,207	0,235	0,248	0,230
RET	0,217	0,209	0,162	0,205	0,200	0,201	0,186	0,199	0,158	0,234	0,235	0,258	0,239	0,217	0,000	0,044	0,041	0,042	0,143	0,046	0,061	0,062	0,136	0,110	0,072	0,084	0,089	0,072	0,111	0,190	0,158	0,187	0,193	0,189
AVI	0,227	0,249	0,168	0,222	0,174	0,221	0,186	0,185	0,164	0,230	0,246	0,242	0,235	0,193	0,116	0,000	0,033	0,043	0,144	0,053	0,048	0,065	0,144	0,120	0,082	0,072	0,079	0,063	0,129	0,220	0,193	0,219	0,225	0,217
RGA	0,227	0,232	0,167	0,207	0,185	0,200	0,156	0,212	0,169	0,210	0,219	0,246	0,245	0,209	0,095	0,107	0,000	0,053	0,149	0,053	0,063	0,067	0,150	0,107	0,076	0,069	0,083	0,076	0,136	0,224	0,189	0,219	0,225	0,218
BC	0,173	0,194	0,109	0,151	0,130	0,142	0,124	0,142	0,110	0,160	0,168	0,184	0,152	0,141	0,140	0,129	0,140	0,000	0,087	0,013	0,038	0,025	0,111	0,075	0,046	0,046	0,056	0,034	0,087	0,181	0,148	0,164	0,179	0,168
MAR	0,245	0,288	0,197	0,220	0,192	0,215	0,202	0,205	0,218	0,250	0,271	0,272	0,230	0,229	0,249	0,238	0,231	0,156	0,000	0,101	0,128	0,112	0,208	0,132	0,132	0,135	0,139	0,113	0,193	0,273	0,242	0,271	0,289	0,254
PAJ	0,204	0,214	0,121	0,159	0,137	0,155	0,137	0,142	0,122	0,175	0,182	0,186	0,166	0,138	0,130	0,143	0,129	0,069	0,163	0,000	0,043	0,039	0,132	0,093	0,055	0,052	0,053	0,046	0,110	0,195	0,165	0,198	0,204	0,190
NAN	0,228	0,255	0,133	0,185	0,170	0,177	0,163	0,183	0,149	0,185	0,207	0,219	0,214	0,179	0,164	0,127	0,161	0,098	0,196	0,110	0,000	0,058	0,146	0,122	0,065	0,063	0,085	0,049	0,134	0,219	0,193	0,218	0,222	0,210
VCA	0,201	0,232	0,130	0,162	0,151	0,171	0,159	0,177	0,130	0,195	0,193	0,203	0,203	0,192	0,178	0,171	0,156	0,110	0,193	0,128	0,147	0,000	0,092	0,092	0,063	0,070	0,067	0,050	0,105	0,195	0,163	0,175	0,191	0,184
PAL	0,305	0,331	0,221	0,273	0,232	0,272	0,271	0,260	0,245	0,291	0,285	0,249	0,295	0,294	0,273	0,267	0,266	0,217	0,294	0,227	0,248	0,162	0,000	0,159	0,163	0,152	0,161	0,135	0,186	0,265	0,244	0,258	0,257	0,260
HER	0,250	0,269	0,180	0,214	0,231	0,211	0,227	0,238	0,206	0,247	0,252	0,211	0,266	0,209	0,237	0,251	0,210	0,170	0,211	0,188	0,218	0,193	0,296	0,000	0,095	0,101	0,100	0,092	0,159	0,225	0,198	0,214	0,228	0,223
BWS	0,201	0,267	0,166	0,175	0,184	0,184	0,223	0,212	0,142	0,252	0,223	0,230	0,216	0,201	0,201	0,201	0,190	0,147	0,214	0,158	0,161	0,154	0,276	0,195	0,000	0,077	0,071	0,050	0,137	0,222	0,189	0,213	0,232	0,212
CHAR	0,264	0,289	0,160	0,199	0,166	0,163	0,207	0,177	0,158	0,224	0,250	0,246	0,228	0,212	0,201	0,173	0,167	0,130	0,207	0,128	0,138	0,159	0,239	0,191	0,170	0,000	0,082	0,056	0,146	0,234	0,206	0,227	0,240	0,220
HOL	0,230	0,289	0,140	0,202	0,180	0,188	0,171	0,182	0,132	0,214	0,239	0,207	0,247	0,218	0,220	0,187	0,188	0,143	0,234	0,139	0,183	0,159	0,273	0,206	0,192	0,158	0,000	0,062	0,151	0,238	0,201	0,228	0,244	0,228
LIM	0,236	0,271	0,135	0,171	0,173	0,170	0,184	0,174	0,142	0,199	0,219	0,223	0,207	0,183	0,188	0,168	0,189	0,113	0,194	0,120	0,107	0,149	0,234	0,196	0,156	0,124	0,171	0,000	0,128	0,204	0,177	0,195	0,209	0,196
EASZ	0,241	0,229	0,254	0,283	0,262	0,292	0,232	0,328	0,212	0,285	0,233	0,359	0,228	0,336	0,304	0,323	0,312	0,254	0,374	0,271	0,319	0,291	0,375	0,369	0,325	0,325	0,353	0,322	0,000	0,132	0,083	0,083	0,117	0,085
GYR	0,317	0,281	0,421	0,445	0,429	0,494	0,384	0,524	0,396	0,439	0,352	0,539	0,338	0,498	0,479	0,546	0,508	0,467	0,558	0,463	0,527	0,495	0,561	0,542	0,502	0,549	0,549	0,503	0,280	0,000	0,037	0,070	0,058	0,103
BRH	0,267	0,239	0,343	0,349	0,342	0,404	0,268	0,436	0,274	0,366	0,272	0,433	0,248	0,416	0,374	0,441	0,396	0,362	0,484	0,372	0,432	0,388	0,491	0,441	0,408	0,454	0,434	0,418	0,196	0,125	0,000	0,042	0,059	0,061
SIN	0,333	0,289	0,424	0,397	0,414	0,494	0,358	0,514	0,365	0,418	0,356	0,486	0,315	0,506	0,490	0,544	0,496	0,442	0,551	0,488	0,530	0,473	0,526	0,520	0,489	0,539	0,533	0,494	0,266	0,206	0,165	0,000	0,078	0,080
GUZ	0,366	0,327	0,461	0,464	0,428	0,503	0,394	0,522	0,410	0,427	0,357	0,538	0,378	0,528	0,502	0,562	0,533	0,469	0,582	0,503	0,537	0,497	0,550	0,550	0,541	0,581	0,588	0,522	0,287	0,175	0,192	0,251	0,000	0,102
NEL	0,280	0,271	0,373	0,366	0,346	0,404	0,313	0,440	0,306	0,351	0,285	0,455	0,265	0,446	0,410																			

5.3.2.3.- Estudios de vecindad

Las distancias genéticas D_A se muestran en la Figura 20 mediante la representación gráfica del dendograma Neighbor-Joining obtenido. En este sentido, se pone de manifiesto la conformación de tres grandes clusters en el árbol, el primero de ellos, más distante y disperso, es el formado por todas las poblaciones cebuínas. El segundo grupo, muy separado del primero, está formado por las razas europeas y, un tercer clúster, formado por todas las razas criollas, ocupa una posición intermedia entre los dos anteriores. Esta misma situación ya fue evidenciada en el análisis de diversidad genética del GCM (Cevallos, 2017).

Por su parte, dentro del grupo de razas criollas, destaca la proximidad existente entre GCSE y CGM, donde ambos aparecen, muy distantes de las otras poblaciones bovinas ecuatorianas consideradas, tanto la de Loja como la Macabea, rompiéndose así la proximidad observada en análisis anteriores entre los criollos ecuatorianos. De igual modo, algo así ocurre en cuanto a la distancia entre el GCSE y los criollos colombianos y panameños, de los que aleja considerablemente en el árbol de vecindad. Asimismo, también llama la atención el distanciamiento resultante respecto a la raza autóctona española Berrenda en Colorado, dada la corta distancia según el valor de D_A .

De igual forma a lo descrito por Cevallos (2016), la aparente proximidad existente entre GCSE y GCM respecto a la raza cebuína no es más que un efecto óptico, ya que el recorrido del brazo que une dichas razas con la rama del *Bos indicus* es muy largo, mucho mayor que con respecto a cualquier raza criolla e incluso europea.

5.3.2.4.- Estructura genética

Se ha realizado un análisis de la estructura de la población con el programa STRUCTURE v. 2.1 (Pritchard et al. 2000). Se ha utilizado un

algoritmo bayesiano del programa que calcula la distribución *a posteriori* de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q). La media de esta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. Con este programa se hace un análisis de agrupamiento de los individuos estudiados en un diferente número de clusters (K) que representarían el número de poblaciones asumidas utilizando un modelo de mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.

En la Figura 21 se presenta gráficamente la estructura poblacional de las 34 poblaciones utilizando el programa informático Structure v.2.1. Se ha realizado con 50000 iteraciones de Burn-in y con número de iteraciones de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 100000. Cada individuo se muestra en una barra vertical y cada color representa la proporción del clúster correspondiente (raza en este caso) en forma proporcional. Cuando el número de poblaciones estimadas es 2 ($K=2$), se separan dos clústeres, uno formado por las razas cebuínas (en rojo) y otro formado por el resto de las razas (en verde). El GCSE se encuentra en el clúster verde junto con todas las demás razas, aunque se observa una clara influencia de las poblaciones cebuínas. En ninguno de los K analizados existe separación entre GCSE y GCM, aunque sí se encuentran diferencias con los bovinos de las otras dos provincias de Ecuador. El GCSE aparece como una población homogénea, aunque algunos individuos muestran un cierto grado de mezcla. El número óptimo de poblaciones es $K=23$ (figura 21), cuando los bovinos de GCSE y GCM se agrupan en el mismo clúster, agrupamiento que se mantiene en K sucesivos hasta $K=34$ (número real de poblaciones analizadas).

En la Tabla 37 se observan los porcentajes de individuos de cada raza que se asignan a cada clúster cuando $K=23$ (K óptimo). El 69,1% de los bovinos de GCSE se asignan al clúster 18, junto con el GCM y otro 7,4% se asigna al clúster 5 junto con los cebús americanos. El resto se asigna a diferentes clústeres con porcentajes de asignación Q inferiores al 5%.

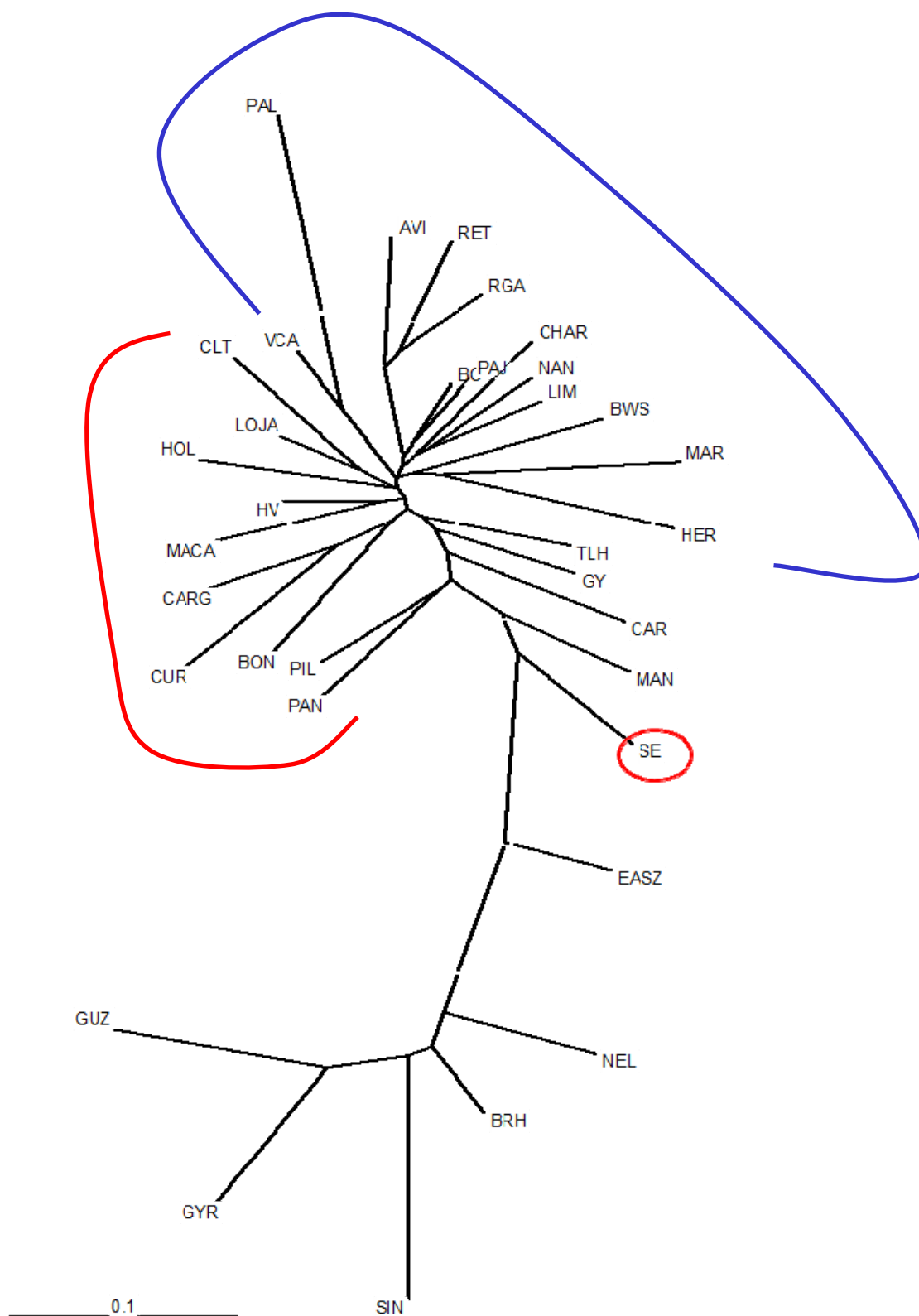
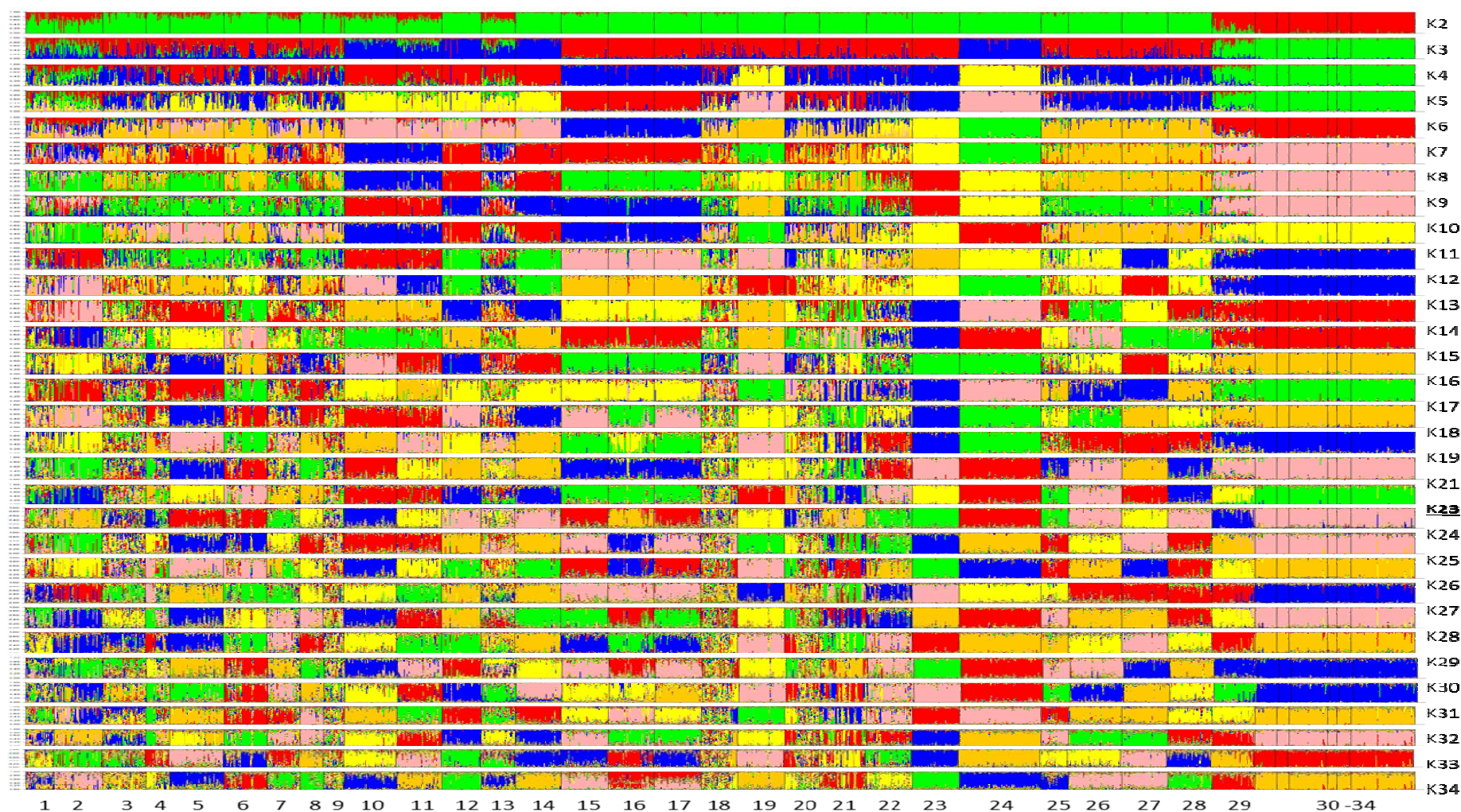


Figura 20.- Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas D_A entre el Ganado Criollo de Santa Elena y otras 33 poblaciones bovinas analizadas.



1: MAN, 2: SE, 3: LOJA, 4: MACA, 5: TLH, 6: CLT, 7: GY, 8: BON, 9: HV, 10: CAR, 11: PAN, 12: CUR, 13: PIL, 14: CARG, 15: RET, 16: AVI, 17: RGA, 18: BC, 19: MAR, 20: PAJ, 21: NAN, 22: VCA, 23: PAL, 24: HER, 25: BWS, 26: CHAR, 27: HOL, 28: LIM, 29: EASZ, 30: GYR, 31: BRH, 32: SIN, 33: GUZ, 34: NEL

Figura 21.- Estructura genética del ganado de doble propósito de la provincia de Santa Elena y otras 33 razas bovinas analizadas.

Tabla 37.- Proporción de asignación (Q) de cada población a cada uno de los clústeres cuando K=23 (K óptimo)

	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	K11	K12	K13	K14	K15	K16	K17	K18	K19	K20	K21	K22	K23
MAN	0.042	0.015	0.041	0.026	0.137	0.013	0.017	0.154	0.012	0.022	0.007	0.024	0.049	0.020	0.020	0.035	0.013	0.207	0.011	0.029	0.026	0.040	0.041
SE	0.009	0.006	0.014	0.011	0.074	0.006	0.014	0.037	0.009	0.013	0.005	0.008	0.012	0.006	0.012	0.008	0.005	0.691	0.008	0.011	0.022	0.008	0.013
LOJA	0.023	0.028	0.020	0.016	0.023	0.022	0.037	0.048	0.033	0.015	0.023	0.043	0.037	0.030	0.254	0.076	0.045	0.028	0.096	0.045	0.017	0.018	0.024
MACA	0.009	0.008	0.008	0.030	0.027	0.012	0.009	0.128	0.015	0.026	0.025	0.012	0.020	0.016	0.460	0.021	0.022	0.021	0.010	0.075	0.016	0.019	0.012
TLH	0.007	0.011	0.009	0.017	0.007	0.008	0.007	0.011	0.019	0.011	0.009	0.012	0.727	0.014	0.014	0.019	0.008	0.010	0.009	0.026	0.008	0.018	0.019
CLT	0.009	0.011	0.009	0.012	0.018	0.009	0.026	0.035	0.012	0.011	0.018	0.009	0.023	0.014	0.016	0.017	0.019	0.007	0.645	0.031	0.007	0.026	0.015
GY	0.018	0.009	0.015	0.028	0.024	0.022	0.008	0.024	0.013	0.023	0.008	0.016	0.033	0.016	0.022	0.032	0.012	0.032	0.016	0.558	0.027	0.023	0.023
BON	0.011	0.008	0.009	0.738	0.004	0.011	0.009	0.009	0.009	0.005	0.016	0.011	0.011	0.009	0.020	0.031	0.010	0.007	0.010	0.021	0.005	0.023	0.014
HV	0.030	0.017	0.017	0.066	0.078	0.012	0.018	0.082	0.027	0.016	0.062	0.039	0.033	0.034	0.127	0.085	0.073	0.020	0.038	0.056	0.039	0.011	0.022
CAR	0.008	0.007	0.757	0.012	0.012	0.013	0.007	0.008	0.011	0.027	0.014	0.007	0.010	0.010	0.015	0.010	0.014	0.009	0.008	0.011	0.005	0.009	0.016
PAN	0.012	0.009	0.035	0.014	0.035	0.010	0.018	0.012	0.009	0.717	0.007	0.011	0.010	0.010	0.011	0.007	0.011	0.009	0.013	0.013	0.013	0.006	0.008
CUR	0.005	0.020	0.006	0.034	0.002	0.006	0.011	0.010	0.008	0.013	0.008	0.005	0.014	0.019	0.014	0.029	0.013	0.004	0.010	0.013	0.003	0.007	0.746
PIL	0.011	0.010	0.030	0.029	0.168	0.012	0.010	0.037	0.028	0.177	0.032	0.013	0.033	0.023	0.033	0.013	0.026	0.044	0.012	0.041	0.019	0.056	0.142
CARG	0.018	0.005	0.013	0.017	0.003	0.007	0.009	0.018	0.011	0.008	0.020	0.009	0.016	0.007	0.011	0.009	0.011	0.008	0.008	0.008	0.003	0.013	0.767
RET	0.759	0.014	0.008	0.021	0.004	0.013	0.009	0.009	0.019	0.007	0.008	0.015	0.007	0.006	0.016	0.013	0.015	0.010	0.013	0.011	0.005	0.008	0.008
AVI	0.118	0.012	0.007	0.022	0.002	0.010	0.006	0.013	0.013	0.005	0.016	0.663	0.016	0.008	0.008	0.018	0.009	0.006	0.009	0.014	0.004	0.008	0.013
RGA	0.714	0.011	0.013	0.007	0.003	0.016	0.018	0.011	0.012	0.010	0.025	0.048	0.010	0.013	0.008	0.013	0.011	0.007	0.014	0.015	0.004	0.008	0.009
BC	0.036	0.022	0.017	0.064	0.006	0.048	0.042	0.045	0.147	0.018	0.063	0.084	0.043	0.035	0.036	0.029	0.056	0.043	0.029	0.049	0.009	0.040	0.037
MAR	0.005	0.009	0.005	0.010	0.003	0.004	0.007	0.008	0.009	0.008	0.018	0.007	0.010	0.008	0.007	0.006	0.009	0.005	0.010	0.006	0.003	0.838	0.006
PAJ	0.031	0.020	0.014	0.046	0.003	0.025	0.014	0.038	0.393	0.011	0.070	0.028	0.013	0.014	0.018	0.034	0.059	0.008	0.017	0.027	0.006	0.059	0.052
NAN	0.015	0.012	0.019	0.018	0.003	0.394	0.008	0.015	0.030	0.009	0.029	0.176	0.028	0.018	0.014	0.014	0.130	0.005	0.007	0.013	0.005	0.019	0.018
VCA	0.028	0.040	0.009	0.023	0.006	0.011	0.012	0.027	0.020	0.009	0.015	0.016	0.012	0.623	0.014	0.020	0.029	0.013	0.012	0.016	0.006	0.019	0.020
PAL	0.004	0.891	0.005	0.005	0.002	0.004	0.005	0.004	0.005	0.005	0.004	0.005	0.012	0.007	0.005	0.006	0.004	0.005	0.005	0.003	0.005	0.006	
HER	0.006	0.007	0.005	0.011	0.003	0.005	0.850	0.009	0.006	0.004	0.009	0.005	0.006	0.009	0.006	0.008	0.007	0.004	0.009	0.006	0.004	0.011	0.009
BWS	0.010	0.013	0.010	0.013	0.005	0.023	0.015	0.719	0.008	0.007	0.013	0.019	0.011	0.016	0.010	0.017	0.017	0.005	0.018	0.010	0.005	0.026	0.011
CHAR	0.013	0.008	0.005	0.013	0.002	0.008	0.010	0.015	0.009	0.006	0.772	0.011	0.014	0.013	0.009	0.020	0.022	0.005	0.012	0.008	0.003	0.012	0.008
HOL	0.007	0.010	0.005	0.009	0.002	0.006	0.008	0.011	0.011	0.005	0.014	0.013	0.009	0.012	0.009	0.816	0.008	0.004	0.008	0.012	0.004	0.008	0.008
LIM	0.009	0.011	0.006	0.012	0.003	0.032	0.010	0.013	0.010	0.006	0.024	0.012	0.010	0.009	0.012	0.019	0.729	0.005	0.011	0.011	0.004	0.020	0.023
EASZ	0.007	0.011	0.008	0.006	0.082	0.004	0.006	0.006	0.009	0.007	0.008	0.008	0.009	0.009	0.006	0.008	0.007	0.012	0.008	0.012	0.751	0.007	0.008
GYR	0.006	0.003	0.002	0.003	0.918	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004	0.003	0.004	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.007	0.002	0.003	0.010	0.003	0.003
BRH	0.012	0.003	0.004	0.005	0.850	0.007	0.006	0.007	0.007	0.005	0.004	0.005	0.007	0.005	0.005	0.006	0.004	0.012	0.004	0.009	0.022	0.004	0.005
SIN	0.006	0.011	0.008	0.003	0.828	0.004	0.011	0.009	0.005	0.008	0.003	0.003	0.006	0.008	0.014	0.006	0.008	0.010	0.005	0.008	0.023	0.004	0.008
GUZ	0.003	0.012	0.007	0.006	0.848	0.006	0.005	0.003	0.006	0.007	0.002	0.004	0.005	0.011	0.005	0.002	0.004	0.010	0.019	0.007	0.019	0.004	0.004
NEL	0.006	0.006	0.007	0.004	0.854	0.005	0.003	0.005	0.004	0.009	0.004	0.006	0.006	0.004	0.004	0.004	0.005	0.006	0.006	0.005	0.039	0.004	0.003

5.4.- Consideraciones finales

La reciente publicación de la normativa zootécnica en Ecuador, relativa a la ordenación del Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas (MAGAP, 2016), puede considerarse la primera fase de la organización de los programas de cría de razas puras en el ámbito estatal, guardando dicha iniciativa una gran semejanza con el tradicional marco zootécnico español, el cual fue compendiado en el Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre, por el que se establece del programa nacional de conservación, mejora y fomento de razas ganaderas (BOE, 2009). En este sentido, la caracterización de las razas bovinas en general y, del ganado criollo de Santa Elena en particular, constituye el primer paso para la consolidación del conocimiento de los recursos genéticos locales en Ecuador, lo que serviría de base para abordar los pasos subsiguientes como es el caso de la creación de la reglamentación específica para la gestión del libro genealógico de la raza, la aprobación de normativa sobre control de rendimiento del ganado, así como el diseño y desarrollo de un esquema de conservación o selección, según sea necesario en cada caso.

De cualquier manera, los resultados derivados de la presente investigación permitirán dar soporte técnico-científico a la redacción del patrón racial del ganado bovino criollo de Santa Elena, lo que contribuirá a la consecución de su reconocimiento oficial como raza por parte de la Administración ecuatoriana.

Así las cosas, las siguientes acciones a desarrollar por parte del MAGAP deberían estar encaminadas a la elevación de esta información zootécnica a las instancias oficiales internacionales, destacando entre ellas a la FAO y, más concretamente, la base de datos *Domestical Animal Diversity Information System "DAD-IS"*, como herramienta clave para la monitorización de las poblaciones de razas nacionales con el fin de llevar a como la toma de decisiones informadas sobre el manejo de los recursos zoogenéticos.

6.- CONCLUSIONES

Primera. El trígamo signaléptico del Ganado Criollo de la provincia de Santa Elena responde a animales eumétricos, de perfil cefálico recto y con tendencia a proporciones corporales sublongilíneas. Asimismo, se caracteriza por su dolicocefalia y esqueleto fino, por cuanto podría adscribirse morfoestructuralmente al conjunto del Bovino Criollo Tropical de Doble Propósito.

Segunda. Esta población presenta un moderado grado de homogeneidad y armonía morfoestructural, resaltando la existencia de un elevado dimorfismo sexual que sugiere una gestión genética diferente entre sexos.

Tercera. El análisis morfométrico comparativo demostró que el Ganado Criollo de Santa Elena (GCSE) se encuentra claramente diferenciado del resto de poblaciones ecuatorianas analizadas al contar con un patrón zoométrico específico.

Cuarta. Desde el punto de vista faneróptico, predominan los animales de cuernos de tipo proceros, con color base de la capa en rojo; con pigmentación en mucosas y pezuñas; de pelo corto, con presencia de papada mayoritariamente de tipo discontinuo y con ausencia de pliegue umbilical y giba.

Quinta. Atendiendo a los parámetros de diversidad genética intraracial, esta población presenta una variabilidad superior al conjunto de razas criollas iberoamericanas y otras razas exóticas.

Sexta. El exceso de homocigotos en los marcadores microsatélites analizados nos indica que esta población muestra una desviación significativa del equilibrio de Hardy Weimberg, por tanto, asistimos a una situación de disminución drástica de diversidad (cuello de botella) o a los efectos significativos de cruzamientos recientes.

Séptima. Todos los microsatélites empleados en la caracterización genética del Ganado Criollo de Santa Elena podrían utilizarse en la confección de un panel de marcadores para la realización de pruebas de exclusión de paternidad/maternidad, así como en la correcta adscripción de individuos a la población dentro de un eventual programa de cría oficial de la raza.

Octava. Los análisis de diversidad genética inter-racial determinan que el Ganado Criollo de Santa Elena se sitúa más cerca de las razas criollas iberoamericanas y europeas que del ganado cebuino, en un primer análisis, estando más próximo a las razas criollas que a las europeas en un segundo análisis.

Novena. El análisis de estructura genética determina la inclusión del Ganado Criollo de Santa Elena en el clúster de las razas criollas, si bien se aprecia influencia de razas vecinas, lo que determina el alto grado de variabilidad genética hallado.

Décima. De la conjunción de resultados obtenidos en los ámbitos zoométrico, faneróptico, morfológico y genético se confirma la identidad de la población de Ganado Criollo de Santa Elena como raza, si bien se hace necesario la implementación de un programa de cría orientado a la homogeneización de la población.

7.- RESUMEN

Se estudió una muestra de 217 animales adultos (198 hembras y 19 machos) de ganado bovino criollo de la provincia de Santa Elena (Ecuador) con el objetivo de realizar un análisis biométrico como base para su caracterización racial. Se obtuvieron los estadísticos descriptivos de 14 variables zoométricas, el peso vivo y 14 índices zoométricos. Asimismo, se efectuó un análisis de varianza con el sexo como factor de variación, se estimaron los coeficientes de correlación Pearson, así como se realizó un análisis de componentes principales a partir de los residuos de las variables. Posteriormente, se realizó un análisis multivariante para la diferenciación de poblaciones mediante análisis discriminante canónico utilizando 14 variables zoométricas y el peso vivo sobre una muestra de 1.388 hembras adultas (Lojano: 198; Manabí: 794; Santa Elena: 198; Tsáchilas: 198). Los resultados obtenidos confirman que la población bovina de Santa Elena presenta tendencia eumétrica y un formato corporal intermedio respecto al resto de razas criollas, de tipo dolicocefalo,

proporciones corporales sublongilíneas y esqueleto fino, lo que confirma su predisposición a la producción lechera. En conjunto, los animales estudiados arrojan un moderado grado de homogeneidad y armonía, destacando la existencia de un moderado a elevado dimorfismo sexual que sugiere una gestión genética diferente entre sexos. El nivel de significancia de las funciones discriminantes, junto a las distancias de Mahalanobis y las distancias euclidianas individuales demostró que cada raza tiene un patrón zoométrico distinto, lo que implica la clara diferenciación morfométrica entre las cuatro poblaciones.

Del mismo modo se analizaron 29 variables cualitativas, 10 de ellas de tipo faneróptico, así como otras 19 variables morfológicas (cabeza (4) y resto del cuerpo (15)), siguiendo la metodología expuesta por Sánchez e Iglesias (2009). Se calculó la proporción media y el error estándar de la proporción media. Asimismo, se realizó un estudio comparativo de las 29 variables cualitativas entre el ganado criollo de Manabí (GCM: 818) y el ganado criollo de Santa Elena (GCSE: 216) mediante pruebas de Chi-cuadrado. Los resultados obtenidos confirman el predominio de animales con cuernos de tipo proceros, con color base de la capa en rojo; con pigmentación en mucosas y pezuñas; de pelo corto, con presencia de papada mayoritariamente de tipo discontinuo y con ausencia de pliegue umbilical y giba. Asimismo, se evidencia la existencia de una clara diferenciación entre las poblaciones de ganado criollo de Santa Elena y de Manabí al encontrar diferencias estadísticas en la mayor parte de las variables, especialmente en el caso de la morfología de la cabeza como región corporal que informa de la definición racial.

Para la caracterización genética mediante marcadores microsatélites, se tomó una muestra de pelo en 53 animales elegidos al azar. Se analizaron los 28 microsatélites, recomendados por el comité de expertos de la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization of the United Nations/ International Society of Animal Genetics) para el estudio de la diversidad genética en la especie bovina. Los fragmentos obtenidos mediante la PCR se han sometido a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático capilar

ABI 3130XL. El genotipado se ha analizado con los programas Genescan Analysis® v 3.1.2 y Genotyper® 2.5. Asimismo, en un análisis de diferenciación, estructura y distancia genética se han utilizado además otras 33 poblaciones bovinas de la base de datos del Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de Animal Breeding Consulting S.L. y del Consorcio BioBovis (<http://biobovis.jimdo.com>).

Se calculó el número medio de alelos por locus (MNA), las frecuencias alélicas, las heterocigosis esperada (H_e) y observada (H_o) y el contenido de información polimórfica (PIC) con el programa MICROSATELLITE TOOLKIT software para Excel. Los valores de F_{IS} (coeficiente de consanguinidad) se han calculado con el programa informático GENETIX v. 4.05 y se ha realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HW) usando el programa GENEPOP v. 3.1c. El coeficiente de consanguinidad F_{IT} , el coeficiente de diferenciación genética F_{ST} y F_{IS} (coeficiente de endogamia de cada individuo en relación a la subpoblación a la que pertenece), calculado mediante el programa GENETIX; un Análisis Factorial de Correspondencia con el programa GENETIX; la distancias genética D_A con el programa informático POPULATIONS y los valores de distancia obtenidos se ha realizado un dendograma Neighbor - Joining mediante el programa TREEVIEW.

Los 28 marcadores han sido polimórficos y se han observado entre un mínimo de 4 alelos para el marcador INRA63 y un máximo de 13 alelos para los loci BM1314 y TGLA053. El número medio de alelos es elevado (8,79), aunque el número efectivo de alelos (4,33) es sensiblemente inferior. La heterocigosidad esperada promedio (H_e) y heterocigosidad observada promedio (H_o) fueron de 0,760 y 0,671, respectivamente. Por tanto, todas las variables consideradas indican que los bovinos criollos de la provincia de Santa Elena muestran una diversidad genética alta. El valor de F_{IS} con un intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestreos es de 0,118 (0,06823-0,14942), lo que indica que la población muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg producida por un exceso significativo de homocigotos, por

cuanto podría indicar cierta inestabilidad genética en la población, pudiendo admitir que las fuerzas responsables de la desviación del equilibrio obedecen a la existencia de ciertos cruzamientos. El panel de microsatélites empleado en la caracterización genética del ganado criollo de Santa Elena resulta idóneo como herramienta de apoyo en pruebas de exclusión de paternidad/maternidad, así como en la correcta adscripción de individuos a la población dentro de un eventual programa de cría oficial en esta raza.

Los análisis de diversidad genética inter-racial determinan la existencia de diferenciación genética entre las 34 poblaciones bovinas incluidas en el estudio es elevada. Además, las distancias genéticas D_A indican que, inicialmente, el ganado criollo de Santa Elena se sitúa más próximo a las razas criollas y europeas que al ganado cebuino y, posteriormente, más cercano a las razas criollas que a las europeas, según el dendograma Neighbor-Joining. Finalmente, el análisis de estructura genética determina la inclusión del ganado criollo de Santa Elena en el clúster de las razas criollas, si bien se aprecia influencia de razas vecinas, lo que determina el alto grado de variabilidad genética hallado.

Finalmente, el compendio de información obtenida del estudio zoométrico, faneróptico, morfológico y genético confirma la identidad de la población de Ganado Criollo de Santa Elena como raza, si bien se hace necesario la implementación de un programa de cría orientado a la homogeneización de la población

8.- SUMMARY

A sample of 217 adult animals (198 females and 19 males) of Creole bovine cattle from the province of Santa Elena (Ecuador) was studied in order to perform a biometric analysis as a basis for their breed characterization. Descriptive statistics were obtained in 14 zoometric variables, the live weight and 14 zoometric indices. From the residuals of variables, an analysis of variance with sex as a factor of variation was estimated as well as Pearson correlation coefficients and principal components analysis. Subsequently, a multivariate analysis was performed for the differentiation of populations through canonical discriminant analysis using 14 zoometric variables and the body weight on a sample of 1,388 adult females (Lojano: 198, Manabí: 794, Santa Elena: 198, Tsachilas: 198). The results obtained confirm that Creole cattle of Santa Elena has tendency to an eumetric body and an intermediate corporal format with respect to the rest of the Creole breeds, dolichocephalic type, sublongilinous body proportions and thin skeleton, which confirms its

predisposition to milk production. Overall, the animals studied show a moderate degree of homogeneity and harmony, highlighting the existence of a moderate to high sexual dimorphism that suggests a different genetic management between sexes. The level of significance of the discriminant functions, together with Mahalanobis distances and individual Euclidean distances showed that each breed has a different zoometric pattern, which implies the clear morphometric differentiation between four populations and supports the proposal of official recognition of Santa Elena cattle breed.

In the same way, 29 qualitative variables were analyzed, 10 of them of phaneroptic type, as well as other 19 morphological variables (head (4) and rest of the body (15)), following the methodology exposed by Sánchez and Iglesias (2009). The mean proportion and the standard error of the mean proportion were calculated. Likewise, a comparative study was conducted of the 29 qualitative variables between Manabí creole cattle (GCM: 818) and Santa Elena creole cattle (GCSE: 216) through Chi-square tests. The obtained results confirm the predominance of animals with “proceros” type horns, red as basic coat coloration; mucous membranes and hooves pigmented; short hair, presence of dewlap mostly of discontinuous type and absence of hump and umbilical fold.

A random sample of hair from 53 animals was taken for genetic characterization using microsatellite markers. A set of 28 microsatellites markers, as recommended by the FAO / ISAG (Food and Agriculture Organization of the United Nations / International Society of Animal Genetics) committee of experts for the study of genetic diversity in the bovine species, were analyzed. The fragments obtained by PCR were subjected to a polyacrylamide gel electrophoresis in an ABI 3130XL automatic capillary sequencer. Genotyping has been analyzed with the Genescan Analysis® v 3.1.2 and Genotyper® 2.5 programs. In addition, 33 other bovine populations from the Animal Breeding Consulting SL Molecular Genetics Laboratory

database and the BioBovis Consortium (<http://biobovis.jimdo.com>) have also been used in an analysis of differentiation, structure and distance genetics.

Mean number of alleles per locus (MNA), allelic frequencies, expected heterozygosity (H_e), observed heterozygosity (H_o) and the polymorphic information content (PIC) with the MICROSATELLITE TOOLKIT software for Excel were calculated. FIS (coefficient of inbreeding) values were calculated using the GENETIX v. 4.05 and a Hardy-Weinberg (HW) equilibrium test was performed using the GENEPOP v. 3.1c. The coefficient of inbreeding (FIT), coefficient of genetic differentiation (F_{ST}) and inbreeding coefficient of each individual in relation to the subpopulation to which it belongs (FIS), were calculated through the GENETIX program; A factorial analysis of correspondence with the GENETIX program was calculated; D_A genetic distances with the POPULATIONS software and distance values obtained, a Neighbor - Joining dendrogram was performed using the TREEVIEW program.

The 28 markers have been polymorphic and have been observed between a minimum of 4 alleles for the marker INRA63 and a maximum of 13 alleles for the loci BM1314 and TGLA053. The mean number of alleles was high (8.79), although the effective number of alleles (4.33) was significantly lower. The average expected heterozygosity (H_e) and average observed heterozygosity (H_o) were 0.760 and 0.671, respectively. Therefore, all the variables considered indicate that the Creole cattle of the province of Santa Elena show a high genetic diversity. The FIS value with a 95% confidence interval with 1000 resampling was 0.118 (0.06823-0.14942), which indicates that the population shows a significant deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium produced by a significant excess of homozygotes, because it could indicate some genetic instability in the population, being able to admit that the forces responsible for the deviation of the balance obey the existence of certain crosses. The panel of microsatellites used in the genetic characterization of the Santa Elena Creole cattle is suitable as a support tool in paternity/maternity

exclusion test, as well as in the correct assignment of individuals to the population within a possible official breeding program in this breed.

Inter-racial genetic diversity analyzes determined the existence of genetic differentiation among the 34 included bovine populations include in the study was high. In addition, the DA genetic distances indicated that, initially, the Santa Elena Creole cattle were closer to the Creole and European breeds than to the Cebuian cattle and, later, closer to the Creole breeds than to the European breeds, according to the Neigbor dendrogram. -Joining. Finally, the analysis of genetic structure determined the inclusion of Santa Elena Creole cattle in the criollo breed cluster, although influence of neighboring breeds was appreciated, which determined the high degree of genetic variability found.

Finally, the compendium of information obtained from the zoometric, morphological, and genetic study confirmed the identity of the Santa Elena Cattle population as a breed, although it is necessary to implement a breeding program aimed at homogenizing the population

9.- REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abreu, U.G.P.; S.A. Santos; J.R.B. Sereno; J.A. Comastri-Filho; M.S. Ravanelli. 2005. Caracterización morfométrica de los bovinos pantaneiros del núcleo de conservación in situ de Nhumirim. Arch. Zootec. 54: 211-216.

Adeyemi M.A., Oseni, S.O. 2018. Canonical discriminant analysis applied to biometric data of nigerian indigenous turkeys. Arch. Zootec. Vol. 67(257):7-12.

Aguilar, J.; Cevallos, O. y Vivas, R. 2013. Razas de bovinos criollos de la costa ecuatoriana. Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Quevedo, Ecuador.

Aguirre, Z. 2012. Guía Dendrológica. Especies Forestales de los Bosques Secos del Ecuador. Quito: Ministerio del Ambiente

Albertí P, Sañudo C, Mendizabal J.A, Ripoll G, Olleta J.L, Panea B, Alzón M, Indurain G. 2003. Caracterización de siete razas bovinas españolas por análisis multivariante a partir de medidas de análisis químico, instrumental, sensorial y desarrollo del tejido graso. Itea Vol. 24(L):70-72.

Alvarado, M.J. y Rodas, C.A. 2016. Caracterización morfométrica e índices zoométricos de los grupos raciales bovinos existentes en el cantón Cuenca. Tesis de Grado. Universidad de Cuenca. Ecuador. 164p.

Álvarez, S. 1991. Los Comuneros de Santa Elena: tierra, familia y propiedad. Biblioteca de Ciencias Sociales. Vol. 34. Quito: Abya-Ayala

Alvear, F.F. 2008. Valoración biotipología y caracterización zoométrica del grupo genético autóctono bovino Pizán. Tesis de Grado. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Ecuador. 75 p.

Amores, M.J. 2015. Caracterización fenotípica, productiva y reproductiva de una línea de bovinos enanos "Patua" en una finca especializada en su cría en la provincia de Santo Domingo de los Tsachilas. 2015. Tesis de Grado. Universidad de Las Américas. Ecuador. 191 p.

Apolo, G.M.; y L.E. Chalco. 2012. Caracterización fenotípica y genotípica de las poblaciones de bovinos criollos en el cantón Gonzanamá de la provincia de Loja. Universidad Nacional de Loja. Ecuador. Tesis de grado. 121 pp.

Armstrong, E., A. Postiglioni, A. Martinez, G. Rincon y J. L. Vega-Pla. 2006. Microsatellite analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). Genetics and Molecular Biology 29: 267-272.

Armstrong, E.; A. Iriarte; A.M. Martínez; M. Feijoo; J.L. Vega-Pla; J.V. Delgado and A. Postiglioni. 2013. Genetic diversity analysis of the Uruguayan Creole cattle breed using microsatellites and mtDNA markers. Genetics and Molecular Research 12 (2): 1119-1131.

Avilés, D. 2012. Estudio de la influencia de los bovinos andaluces en la formación de las razas bovinas criollas de Latinoamérica. Trabajo Fin de Master. Universidad de Córdoba. Disponible en www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/16_12_21_tfm_diana_final.pdf.

Barsky, O. y Cosse, G. 1981. Tecnología y cambio social. Las haciendas lecheras en Ecuador. Ed. Flacso, Quito. Ecuador.

Bavera, G. 2004. Clasificación de los pelajes. El pelaje del bovino y su importancia en la producción. Ed. Bavera, Rio Cuarto, pp 27-39.

Beja-Pereira, A.; Alexandrino, P.; Bessa, I.; Carretero, Y.; Dunner, S.; Ferrand, N., Fornada, J.; Laloe, D.; Moazami-Guodarzi, K.; Sánchez, A. y Cañón, J. 2003. Genetic characterization of South Western European bovine breeds: an historical and biogeographical reassessment with a set of 16 microsatellites. Journal of Heredity, 94: 243-250.

Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste y F. Bonhomme. 2003. Genetix: 4.05 Logiciel sous WindowsTM pour la genetique des populations. In: U. d. Montpellier (ed.). Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations, Montpellier, France.

- Benavides, O.P. 2015. Estudio morfoestructural de una población de bovinos naturalizados en la provincia de Esmeraldas, Ecuador. Tesis de Grado. Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Ecuador. 73 p.
- Bethancourt, H. y Toribio, B. 2013. Caracterización genética del ganado Criollo Lechero Dominicano utilizando microsatélites. *Revista Agropecuaria y Forestal APF* 2(1): 43-48.
- Bishop S.C, 2012. Possibilities to breed for resistance to nematodeparasite infections in small ruminants in tropical production systems. *Animal*. Vol. 6(5):741-7.
- Boaheng M. and Kofi SE. 2016. Morphological characterization of breeds of sheep: a discriminant analysis approach. Asamoah-Boaheng and Sam. *SpringerPlus*. 5(69):1-12
- Botstein D, White R L, Skolmick H y R W Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment lenght polymorphisn. *American Journal of Human Genetics*. 32 314-331.
- Bouzat, J.; G. Giovambattista; C. Golijow; M. Lojo; y M. Dulout. 1998. Genética de la conservación de razas autóctonas: El ganado criollo argentino. *Interciencia*. 23(3): 151-157.
- Brenneman, R. A., Chase, C. C., Olson, T. A., Riley, D. G. and Coleman, S. W. 2007. Genetic diversity among Angus, American Brahman, Senepol and Romosinuano cattle breeds. *Animal Genetics* 38(1):50–53.
- Cabello, A.; León, J.M.; Barba, C.J. 2007. Contribución a la diferenciación morfológica de las variedades del cerdo Ibérico como base para su conservación. En: Dip. Córdoba editor. *El cerdo Ibérico. Caracterización de sus variedades*. 1st ed. Diputación de Córdoba. Córdoba, España. pp:31-87
- Canales, A.M; Cervantes, P.; Hernández, A.; Martínez, A.; Landi, V.; Delgado, J.V.; López, B.A.; Domínguez, B.; Olmos, A.; Valdés, M. 2014. Caracterización genética de vacas de la raza criollo lechero tropical en Veracruz, México, AICA. Vol. 4:74-76.
- Cañón, J., P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferran, D. Garcia, J. Jordana, D. Laloe, A. Pereira, A. Sanchez y K. Moazami-Goudarzi. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution* 33: 311-332.
- Carolino, N. 2010. Caracterizaçao fenotípica de raças bovinas autóctones portuguesas. *Proceeding XI Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Joao Pessoa-Paraíba, 17-19 noviembre. Brasil. Pp 298-302.
- Centellas, P.D.; R.J.L. Vaca; A.J.N. Joaquin; C.R. Peña; R.J.A., Pereira. 2008. Caracterización morfométrica del bovino de Saavedra. *Proceeding IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Buenos Aires, 10-12 diciembre. Argentina. Pp 145-152.

Cevallos, O.; Barba, C.; J.V. Delgado; A. González; J. Perea; E. Angón; A. García. 2016. Caracterización zoométrica y morfológica del ganado criollo de Manabí (Ecuador). *Revista Científica, FCV-LUZ* / Vol. XXVI, N° 5, 313-323.

Cevallos, O.; K. Estupiñán; L. Rizzo; D. Merizalde; A. González; J.V. Delgado; C. Barba. 2015. Caracterización morfoestructural y faneróptica del bovino doble propósito de la provincia de Santo Domingo de los Tsáchilas. *Proceeding III Congreso Internacional de Ciencia Tecnología, Innovación y Emprendimiento*. Bolívar. 10-12 noviembre. Ecuador. Pp 111-116.

Chakraborty, R y L. Jin. 1993 Determination of relatedness between individuals using DNA fingerprinting. *Human Biology* 65: 875-895

Contreras, G.; Z. Chirinos; S. Zambrano; E. Molero. A. Paéz. 2011. Morphological characterization and zoometric indexes of Criollo Limonero Cows of Venezuela. *Rev. Fac. Agron. LUZ*. 28: 91-103.

Cornuet, J. M., S. Piry, G. Luikart, A. Estoup y M. Solignac. 1999. New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* 153: 1989-2000.

Cortes, O. 2008. Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. Universidad Complutense de Madrid. Tesis Doctoral.

Dalvit, C.; M. De Marchi; R. Dal Zotto; E. Zanetti; T. Meuwissen; M. Cassandro. 2008. Genetic characterization of the Burlina cattle breed using microsatellites markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. Vol. 125(2): 137-144.

De Alba, J. 1987. Criollo cattle of Latin American. In: Hogdes, J. (Ed). *Proceeding of the 2nd Meeting of the FAO/UCEP*. Warsaw, 13-18 junio. Poland. Pp 17-39. 1987

De Alba, J. 2011. Los Criollos Lecheros Tropicales. In: *El libro de los Bovinos Criollos de América*, J. de Alba Martínez. Biblioteca Básica de Agricultura (Colegio de Postgraduados). Ediciones Papiro Omega S.A. de C.V. México, D.F. pp. 92-98.

De la Fuente LF, Sánchez RJM, Rodríguez LE. 2018. Características morfológicas de la raza Morucha actual. <http://www.morucha.com>. Acceso: Marzo 07, 2018.

Delgado, J.V. 2000. La conservación de la biodiversidad de los animales domésticos locales para el desarrollo rural sostenible. *Arch. Zoot.* 49: 317-326.

Delgado, J.V.; A. M. Martínez; A. Acosta; L.A. Álvarez; E. Armstrong; M.E. Camacho; J. Cañón; O. Cortés; S. Dunner; V. Landi; J.R. Marques; I. MartínBurriel; O.R. Martínez; R.D. Martínez; L. Melucci; J.E. Muñoz; M.C.T. Penedo; A. Postiglioni; J. Quiroz; C. Rodellar; P. Sponenberg; O. Uffo; R. Ulloa-Arvizu; J.L. Vega-Pla; A. Villalobos; D. Zambrano; P. Zaragoza; L. T. Gama; and C. Ginja. 2011. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 43, 2–10.

Dowdall, R.C. 1987. Criando Criollos. Hemisferio Sur. Buenos Aires.

- Escobar, C.; Villalobos, A. y Nuñez, J. 2014. Medidas zoométricas del ganado bovino criollo de Panamá. *Invest. pens. crit.* Vol. 2, No. 5: 26-33
- Espinoza, J.L.; Guevara, J.A. y Palacios, .A. 2009. Caracterización morfométrica y faneróptica del bovino criollo Chinampo de México. *Arch. Zootec.* 58: 277-279.
- Excoffier, L. 2007. Arlequín ver 3.11 Computational and molecular population genetic lab. CMPL. University of Berne <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>
- Excoffier, L.; Smouse. P.E.; Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. Vol. 131(2):479-91.
- Falush, D., M. Stephens y J. K. Pritchard. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567-1587.
- FAO, 2018. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS). <http://www.fao.org/dad-is/>. 28/04/2016. Consultado 10 marzo 2018
- FAO. 2007. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Plan de acción mundial sobre los recursos zoogenéticos y la Declaración de Interlaken. Comisión de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Roma, Italia. Pp 1-4.
- FAO. 2010. La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura, editado por Barbara Rischkowsky y Dafydd Pilling. Roma (disponible en <http://www.fao.org/docrep/011/a1250s/a1250s00.htm>) (traducción de la versión original en inglés, 2007).
- FAO. 2012. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Directrices FAO: Producción y sanidad animal. Roma, Italia. N° 7, Pp 3-7.
- FAO. 2013. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). *In vivo* conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and health guidelines. Rome, Italy. N° 14, Pp 157-188.
- FAO. 2015. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome, Italy. Pp 25-42.
- Fernández, G.; M. Rodríguez; C. Silveira; C. Barba. 2001. Estudio étnico de los bovinos criollos del Uruguay: II. Análisis de las faneras. *Arch. Zootec.* 50: 119-124.
- Fuentes, M. G., M. M. A. Carmona, V. E. Pérez y Z. Chirinos. 2011. Caracterización del dimorfismo sexual en ganado criollo de Oaxaca, mediante medidas corporales. *AICA* 1: 94-96.
- GAP, 2013, Global Agriculture Productivity. Report. Sustainable pathways to sufficient nutritious and affordable food. Global Harvest Initiative. En línea:

<https://www.globalharvestinitiative.org/agricultural-value-chains-sustainable-pathways-to-food-and-nutrition-security/>

Ginja, C.; Gama, L.T.; Cortés, O.; Delgado, J.V.; Dunner, S.; García, D.; Landi, V.; Martín-Burriel, I.; Martínez, A.; Penedo, C.; Rodellar, C.; Zaragoza, P.; Cañón, J. y BioBovis Consortium. 2013. Analysis of conservation priorities of Iberoamerican cattle based on autosomal microsatellite markers. *Genet Sel Evol.* Vol. 45(1):35.

Goldstein, D.B. and Schlotterer, C. 1999. *Microsatellites: Evolution and applications.* Oxford University Press, Oxford.

Goldstein, D.B.; Ruiz Linares, L L Cavalli-Sforza, and M W Feldman. 1995. *PNAS Proc. Natl. Acad. Sci.* Vol 92(15):6723-6727.

González, .A.; Luque, M.; Herrera, M.; González, C.; Angón, E.; Rodero, E. 2014. Usefulness of discriminant analysis in the morphofunctional classification of Spanish dog breeds. *Archiv Tierzucht.* Vol. 57(2):1-16

González, A. 2007. *Caracterización de las razas bovinas Berrendas en el área de Despeñaperros como base para su conservación.* Universidad de Córdoba. España. Tesis Doctoral. 503 pp.

Goyache F, Gutierrez JP, Alvarez I. 2001. Analisis de componentes principales sobre los caracteres de tipo en reproductoras de raza Asturiana de los Valles. ITEA. 127-129. http://www.aida-itea.org/aida-itea/files/jornadas/2001/comunicaciones/2001_Gen_42.pdf. Consultado 26 Feb 2018

Guo, S. W. y E. A. Thompson. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 48: 361-372.

Herrera, M. 2003. Criterios etnozootécnicos para la definición de poblaciones. V Congreso de SERGA y III Congreso de SPREGA Madrid Libro de Actas 41-48.

Herrera, M. 2007. Metodología de caracterización zooetnológica. En: Rodero, E.; M. Valera. (Eds). *La ganadería andaluza en el siglo XXI. Patrimonio ganadero andaluza.* Vol I: Pp 435-448.

Herrera, P. y Espinel, R. Acumulación perversa: Comuneros, agua y tierra en la Península Santa Elena. Pp: 49-64. En: *Reforma Agraria en el Ecuador? Viejos temas nuevos argumentos.* Brassel, F.; Herrera, S. y Laforge, M. (Eds.). SIPAE, Quito. Ecuador.

Hevia, M., y Quiles, A. 1993. Determinación del dimorfismo sexual en el Pura Sangre. *Archivos de Zootecnia*, 42, 451-456.

Hick; H.M.V., 2016 *Etnozootecnia y conservación de recursos zoogenéticos.* [Proyecto de proyección social]. En línea: <http://pa.bibdigital.uccor.edu.ar/1145/1/Etnozootecnia%20y%20conservaci%C3%B3n%20de%20recursos%20zoogen%C3%A9ticos.pdf>

Ibeagha-Awemu E. M., Erhardt G. 2005. Genetic structure and differentiation of 12 African *Bos indicus* and *Bos Taurus* cattle breeds, inferred from protein and microsatellite polymorphisms. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:12–20

INEC, 2018. Instituto Nacional de Estadística y Censos. Censo de Población y Vivienda 2010. En línea: <http://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>. 19/04/2016.

INEC, 2018. Instituto Nacional de Estadística y Censos. Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria 2014. Ecuador. En línea: <http://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>. Acceso: Marzo 03, 2018.

INIAP. 2015. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias. Informe Técnico sobre Estado de la Biodiversidad para la Alimentación y la Agricultura en el Ecuador. Quito.

IEE, 2015. Instituto Espacial Ecuatoriano. Proyecto para la generación de geoinformación para la gestión del territorio a nivel nacional. En línea: <http://www.institutoespacial.gob.ec/proyecto-nacional/> 13/07/2018

Jarne, P., and P. Lagoda. 1996. Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends Ecol. Evol.* 11:424– 429.

Jáuregui, J.R.; C.A. Gutiérrez; C.L. Cordón; L.M. Osorio; CH.L. Vásquez. 2014. Determination morphostructural creole cattle Barroso Salmeco in Guatemala. *AICA* 4: 6-8.

Jáuregui-Jiménez, R.; Melgal-Dávila, R. 2009. El bovino criollo Barroso o Salmeco, compilación de la primera caracterización fenotípica y zoométrica en Guatemala. *Proceeding X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zootécnicos*. Palmira Valle, 11-13 noviembre. Colombia. Pp 221-225.

Jordana, J, A. Ferrando, J. Marmi, R. Avellanet, R. Arangueren, J.A. Méndez, F. Goyache. 2010. Molecular, genealogical and morphometric characterisation of the Pallaresa, a Pyrenean relic cattle breed: Insights for conservation. *Livestock Science*, 132: 65-72.

Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beja-Pereira, I. Bessa, J. Cañón, Y. Carretero, S. Dunner, D. Laloe, K. Moazami-Goudarzi, A. Sanchez y N. Ferrand. 2003. Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 120: 73-87.

Joshi, B.K.; Mudwari, A.; Bhatta, M.R.; Ferrara, G.O. 2004. Genetic diversity in Nepalese wheat cultivars based on agromorphological traits and coefficients of parentage. *Nep Agric Res J* 5: 7-17.

Koupermann, J.I. 2014. Determinación y mapeo de las áreas potencialmente incorporables al desarrollo sustentable, a partir de la implementación del plan hidráulico en la provincia de Santa Elena. Trabajo Fin de Grado. Pontificia Universidad Católica del Ecuador.

Langella, O. 1999. Populations 1.2.28 CNRS UPR9034 <http://www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations/index.php>.

Leota R. 2004. Use of linear discriminant analysis to characterise three dairy cattle breeds on the basis of several milk characteristics. *Ital J Anim Sci*. Vol. 3(4):377-383.

Lirón J.P., Ripoli M.V., De Luca J.C., Peral-García P. and Giovambattista G. 2002. Analysis of genetic diversity and populations structure in Argentine and Bolivian Creole cattle using five loci related to milk production. *Genetics and Molecular Biology*. 25, 4, 413-419.

MAE, 2015. Ministerio del Ambiente. Quinto Informe Nacional sobre Biodiversidad para el Convenio sobre la Diversidad Biológica. Quito. Ecuador.

MAE, 2017. Ministerio del Ambiente. Agrobiodiversidad, su integración en la gestión de las políticas públicas y su abordaje en la estrategia nacional de biodiversidad 2030. Agroambiente 2035. Aportes al debate de la política ambiental.

MARM. 2009. Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre, por el que se establece el Programa nacional de conservación, mejora y fomento de las razas ganaderas. Ministerio de Medio Ambiente, y Medio Rural y Marino. Boletín Oficial del Estado, num. 23 de 27.01.2009. pp. 9211-9242.

Martínez D. Fernández, E. Brócoli, A. Delgado, J. 2005. Variabilidad genética del ganado bovino criollo argentino de origen patagónico. *España, Arch Zootec* 54: 415-421.

Martínez, A. M., J. Calderón, E. Camacho, C. Rico, J. L. Vega-Pla y J. V. Delgado. 2005. Caracterización genética de la raza bovina mostrenca con microsatélites. *Archivos de Zootecnia* 54: 357-361.

Martínez, M; Vargas, B; Cordero, J; Chacón, I y León, B. 2015. Diversidad genética entre subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica. *Agronomía Costarricense* 39(2): 33-45.

Martínez, R.; E. Fernández; N. Abbiati; A Broccoli. 2007. Caracterización zoométrica de bovinos criollos: patagónicos vs. noroeste argentino. *Rev. MVZ Cordoba*. 12 (2): 1042-1049.

Martínez, R; García, D; Gallego, L, Onofre, G; Pérez, J; and Cañón, J. 2008. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science* 86: 545–552.

Martínez-López, O.R.; V. Lamas-Sosa; W.E. Pereira; A.R. Macchi-Silveira; A. Zayas; O. Niedhammer; G. Serrati. 2009. Estudio descriptivo de variables morfométricas de bovinos Pampa Chaqueño de Paraguay. *Proceeding X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*. Palmira Valle, 11-13 noviembre. Colombia. Pp 226-230.

Mateus, J. C., M. C. Penedo, V. C. Alves, M. Ramos y T. Rangel-Figueiredo. 2004. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics* 35: 106-113.

- Mazza, M.C.M.; Mazza, C.A.; Sereno, J.R.B.; Santos, S.A.L. y Mariante, A.S. 1992. Phenotypical characterization of Pantaneiro cattle in Brazil. Arch. Zootec. Vol. 41 (154): 477-484.
- Méndez, M.; J. Serrano; R. Ávila; M. Rosas; N. Méndez. 2002. Morfometric characterisation of Mixteco creole cattle. Arch. Zootec. 51: 217-221.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet y F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. Animal Genetics 28: 338-345.
- N'goran, K.E.; Kouassi, N.C.; Loukou, N.E.; Dayo, G.S.M.; Yapi-Gnaore, C.V. 2018. Multivariate analysis for morphological characteristics of N'Dama cattle breed in two agro-ecological zones of Côte d'Ivoire. European Scientific Journal January. 14(3):602-621
- Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 70:3321-3323.
- Nei, M. 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. Annales of Human Genetics 41: 225-233.
- Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York.
- Nei, M. y S. Kumar. 2000. Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press, Inc., New York, U.S.A.
- Nei, M.; F. Tajima; Y. Tatenno. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. J. Mol. Evol. Vol. 19:153-170.
- Nijman, I. J., M. Otsen, E. L. Verkaar, C. de Ruijter, E. Hanekamp, J. W. Ochieng, S. Shamshad, J. E. Rege, O. Hanotte, M. W. Barwegen, T. Sulawati y J. A. Lenstra. 2003. Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. Heredity 90: 10-16.
- Nogales, S.; Albardonedo, D.; Recio, J.M.; Delgado, J.V., Camacho, M.E. 2011. Primeros resultados en el estudio del estado actual de la morfología en la raza bovina negra andaluza. Arch. Zootec. Vol. 60 (231):397-399.
- Oguntunji, A.O.; Ayorinde, K.L. 2014. Multivariate analysis of morphological traits of the Nigerian Muscovy ducks (*Cairina moschata*). Arch. Zootec. 63(243):483-493.
- Ossa, G.; Y. Abuabara; J.E. Pérez-García; G. Martínez. 2011. El ganado criollo colombiano Costeño con Cuernos, CCC. Anim. Gen. Res. 48: 101-107.
- Paetkau, D., S. Slade, M. Burden y A. Estoup. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. Molecular Ecology 13: 55-65.
- Paetkau, D., W. Calvert, I. Stirling y C. Strobeck. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. Molecular Ecology 4: 347-354.

Parés, P.M. 2009. Zoometría. En: Sañudo, C. (Ed). Valoración morfológica de los animales domésticos. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. Madrid. Pp 167-198.

Park, S. D. E. 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection. Tesis doctoral, University of Dublin, Dublin.

Piedrafita J, Quintanilla R, Sañudo C, Olleta JL, Campo MM, Panea B, Renand G, Turin F, Jabet S, Osoro K, Oliván MC, Noval G, García, P, García MD, Oliver MA, Gispert M, Serra X, Espejo M, García S, López M, Izquierdo M. 2013. Carcass quality of 10 beef cattle breeds of the Southwest of Europe in their typical production Systems. *Livest Prod Sc.* Vol. 82(1):1–13

Pilling, D. 2010. Threats to animal genetic resources for food and agriculture – approaches to recording, description, classification and analysis. *Anim. Genet. Resour.* 47: 11–22.

PND, 2018. Plan Nacional de Desarrollo 2017-2021. Toda una Vida. En línea: http://www.planificacion.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2017/10/PNBV-26-OCT-FINAL_0K.compressed1.pdf. 19/11/2018.

Primo, AT. El ganado bovino ibérico en las américas: 500 años después. 1992. *Arch. Zootec.* 41 (154): 421-432.

Pritchard, J. K., M. Stephens y P. Donnelly. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155: 945-959.

Quiroz, J. 2008. Caracterización genética de los bovinos criollos mexicanos y su relación con otras poblaciones bovinas. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba.

Rabasa, C., A. Sal Paz, F. Sal Paz, F. Bergmann and S.L. Rabasa. 1976. Genética de pelajes en bovinos Criollos. *Mendeliana*, 1: 81-90.

Rannala, B. y J. L. Mountain. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. In: *Proceedings of National Academy of Sciences of USA, USA.* pp 9197-9221

Raymond, M. y F. Rousset. 1995. GENEPOP (version 1.2): A population genetics software for exact test and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86: 248-249.

MAGAP, 2016. REGISTRO OFICIAL, NUM. 748. Resolución 059. Expídesse la Normativa técnica aplicable para el Registro Oficial de Asociaciones de Criadores y Registros Zootécnicos de Razas Bovinas Puras y/o Sintéticas. En línea 13/01/2017: <http://www.derechoecuador.com/productos/producto/catalogo/registros-oficiales/2016/mayo/code/RegistroOficialNo748-Jueves05Mayode2016/registro-oficial-no-748---jueves-05-de-mayo-de-2016#No059>.

Rodero, A.; J.V. Delgado; E. Rodero. 1992. El ganado andaluz primitivo y sus implicaciones en el descubrimiento de América. *Arch. Zootec.* 41 (154): 383-400.

- Rodriguez, C. M. 2014. Caracterización hidrogeológica de las cuencas de los ríos Javita y Zapotal de la península de Santa Elena. Trabajo Fin de Grado. Universidad Central de Ecuador. Pp 1-20.
- Rodríguez, M.; G. Fernández; C. Silveira. 2004. Caracterización morfológica de los Bovinos Criollos uruguayos del Parque de San Miguel. *Veterinaria*. 39 (155-156): 39-42.
- Rodriguez, M.; G. Fernandez; C. Silveira; J.V. Delgado. 2001. Estudio étnico de los bovinos criollos del Uruguay: I. Análisis biométrico. *Arch. Zoot.* 50: 113-118.
- Rubio-Tabarez, E.; E. Pérez-Eguia. 2015. El bovino criollo de la Sierra Tarahumara. *AICA* 6: 485-494.
- Sachidanandam, R.; Weissman, D.; Schmidt, S.C.; Kakol, J.M.; Stein, L.D.; Marth, G. & International Snp Map Working Group., 2001. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 409: 928-933.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Sal Paz, A., F. Sal Paz, F. Bergmann and S.I. Rabasa. 1976. Asociación de la fertilidad femenina con genes mendelianos mayores en bovinos criollos. *Mendeliana* 1: 91-96
- Salamanca, A. and R. Crosby. 2013. Phenotypic study of bovine creole biotype Casanare Araucano. Zoometric analysis. *Zoot. Trop.* 31(3): 201-208.
- Sanchez, L; P. Iglesias. 2009. Valoración morfológica en bovino de aptitud cárnica y razas rústicas. En: Sañudo, C. (Ed). Valoración morfológica de los animales domésticos. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino. Madrid. Pp 271-308.
- Sastre, H. J., E. Rodero, A. Rodero, P. J. Azor, N. G. Sepúlveda, M. Herrera y A. Molina. 2003. Caracterización genética de la raza bovina colombiana criolla Casanare mediante análisis de microsatélites. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 16 (supl.): 49.
- Sastre, H.J.; E. Rodero; A. Rodero; M. Herrera; F. Peña. 2010. Caracterización etnológica y propuesta del estándar para la raza bovina colombiana Criolla Casanare. *Anim. Genet Resour.* 46: 73–79.
- She, J. X., M. Autem, G. Kotoulas, N. Pasteur y F. Bonhomme. 1987. Multivariate analysis of genetic exchanges between *Solea aegyptiaca* and *Solea senegalensis* (Teleosts, Soleidae). *Biological Journal of the Linnean Society* 32: 357-371.
- Shete, S., Tiwari, H. and Elston, R. C. 2000. On estimating the heterozygosity and polymorphism information content value. *Theoretical Population Biology* 57: 265-271
- SICA. 2001. Servicio de información y censo agropecuario. Sistema de información Nacional de agricultura, ganadería, acuicultura y pesca del Ecuador. Ministerio de Agricultura y ganadería del Ecuador.

- Sierra, I. 2001. El concepto de raza: evolución y realidad. Arch. Zootec. 50: 547-564.
- Sobczuk D, Komosa M. 2012. Morphological differentiation of polish Arabian horses - multivariate analysis. Bull Vet Inst Pulawy. Vol. 56(4):623-629.
- Sodhi, M.; Mukesh, M.; Mishra, B. P.; Prakash, B.; Ahlawat, S. P. S. and Mitkari, K. R. 2005. 'Evaluation of Genetic Differentiation in Bos indicus Cattle Breeds from Marathwada Region of India Using Microsatellite Polymorphism', Animal Biotechnology, 16: 2, 127 — 137
- Statistica for windows. Stat Soft. Inc. Tulsa. USA. 2010.
- Steigleder, C.S.; Almeida, E.A.; Weimer, T.A. 2004. Genetic diversity of a Brazilian creole cattle based on fourteen microsatellite loci. Arch. Zootec. Vol. 53:3-11.
- Sunnucks, P. 2001. Efficient genetic markers for population biology. Trends in ecology & evolution 15 (5), 199-203
- Takahashi, K. y M. Nei. 2000. Efficiencies of fast algorithms of phylogenetic inference under the criteria of maximum parsimony, minimum evolution, and maximum likelihood when a large number of sequences are used. Molecular Biology and Evolution 17: 1251-1258.
- Takezaki, N. and Nei, M. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Genetics. 144(1):389-99.
- Tapio, M.; Tapio, I.; Grislis, Z.; Holm, L.E.; Jeppsson, S.; Kantanen, J.; Miceikiene, I.; Olsaker, I.; Viinalass, H.; Eythorsdottir, E. 2005. Native breeds demonstrate high contributions to the molecular variation in northern European sheep. Mol Ecol. Vol. 14(13):3951-63
- Tateno, Y., N. Takezaki y M. Nei. 1994. Relative efficiencies of the maximumlikelihood, neighbor-joining, and maximum-parsimony methods when substitution rate varies with site. Molecular Biology and Evolution 11: 261-277.
- Vargas J.C.; J.V. Delgado; M.M. Gómez; M. Viamonte; A. Ramírez; J. Benítez. 2015. Raza bovina autóctona Macabea, recurso genético para el mejoramiento y adaptación a los ecosistemas amazónicos ecuatorianos. AICA 6: 184-191.
- Vargas, J.; Landi, V.; Martínez, A.; Gómez, M.; Camacho, M.E.; Álvarez L.A.; Aguirre, L. y Delgado, J.V. 2016. Molecular Study of the Amazonian Macabea Cattle History. PLoS ONE 11(10): e0165398. doi:10.1371/journal.pone.0165398
- Vera TA, Ricarte AR; Díaz R, Arriba PN, Vélez, J. A. 2013. Caracterización fenotípica de diferentes biotipos de razas presentes en la población caprina de La Rioja, Argentina. Actas de resúmenes de XXIII Reunión de ALPA y IV Congreso Internacional de Producción Animal Tropical. La Habana. Cuba. 13.
- Vijil, E.; A. Picot; M. Hernández; F. Pastor; F. Quintín.; E. Sevilla; F. Abril; A. Sanz. 2009. The Serrana de Teruel cattle breed: phaneroptical, morphological and morphostructural characterization. Arch. Zootec. 58 (Supl. 1): 517-520.

- Villalobos, A.; A. Martínez; J.L. Vega-Pla; V. Landi; J. Quiroz; R. Martínez; R. P. Sponenberg; E. Armstrong; D. Zambrano; J. Ribamar y J.V. Delgado. 2012. Relationships between Panamanians and some creole cattle landraces in Latin America. *Pesq. Agrop. Bras.* 47: 1637-1646.
- Villalobos, A; Martínez, A; Vega-Pla, L y Delgado, J. 2009. Caracterización genética de la población bovina Guabalá mediante microsatélites. *Arch. Zootec.* 58 (Supl.1):485-488.
- Villasmil, Y., Román, R., Yáñez, L., Contreras, G., Jordana, J. y Aranguren, A. 2008. Diversidad genética de la raza Criollo Limonero utilizando marcadores de ADN microsatélites. *Revista Científica FCV - LUZ.* XVIII N° 4 pp: 415 - 423.
- Weir, B.; Basten, C. 1990. Sampling strategies for distances between DNA sequences. *Biometrics* 46(3):551-82
- Weir, B.; Cockerham, C. 1984 Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, vol. 38, no. 6, p. 1358-1370.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420.
- Wright, S., 1969, The Theory of gene frequencies, In: Evolution and genetics of populations. pp. 291-293.
- Yeh F.C., Boyle T.J.B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belg J Bot.* 29:157.
- Zamorano, M. J., J. Ruiter, A. Rodero y J. L. Vega-Pla. 1998. Análisis genético de marcadores microsatélites en dos poblaciones de la raza bovina Berrenda en Negro. *Archivos de Zootecnia* 47: 195-200.



10.- ANEXOS

10.1.- ANEXO I.- Ficha para las características fanerópticas y morfológicas de la raza



TOMA DE DATOS MORFOESTRUCTURALES Y FANEROPTICOS

Propietario:

Predio

Ubicación:

Cantón:

Parroquia:

Fecha de toma de Datos:

Especie:

Responsable:

Variables cuantitativas	Medidas(cm)	Edad	SEXO		Especie	Raza	OBSERVACIONES
			H	M	Bovino		
ALZADAS							
Alzada a la cruz (ACz)							
Alzada de la grupa (AG).							
Alzada a la pelvis (AP)							
Alzada al nacimiento de cola							
Alzada al hueso sub-esternal							
DIÁMETROS							
Diámetro longitudinal:							
Diámetro dorso-esternal							
Diámetro bicostal							
Distancia entre encuentros o anchura del pecho							
Anchura de la grupa o anchura inter-iliaca:							
Anchura posterior de la grupa							
MEDIDAS DE LA CABEZA Y OREJA							
Anchura de la cabeza							
Longitud de la cabeza							
Largo de la oreja							
Ancho de la oreja							
MEDIDA DEL CUELLO							
Longitud de la cervical (LSC)							
LONGITUD DEL CUELLO (LIC)							
Anchura del cuello con la cabeza (AAC)							
Anchura del cuello en su parte posterior (APC)							
Perímetro de la rodilla							
Perímetro del corvejón							
Perímetro de la caña							
Variable cualitativas							
	Color	Edad	H	M	Especie	Raza	Observaciones
FANERÓPTICAS							
Color de capa							
Forma del pelaje							
Coloración de la mucosa							
Pigmentación de pezuña							
Sección de los cuerno	Cir. E. Oval						
Pos. De los cuernos	Pro. Ort..ospito						
Des. De los cuernos	Gr, Pq, Md						



TOMA DE DATOS MORFOESTRUCTURALES Y FANEROPTICOS

Propietario:

Predio

Ubicación:

Cantón:

Parroquia:

Fecha de Datos:

Especie:

Responsable:

Variables	Datos	Variables	Datos	Variables	Datos
FORMA DE LOS CUERNOS (FCU)		NACIMIENTO COLA (NC)		PEZ SUP IZQDO (PSI)	
Espiral		Alto		Cero	
Gancho alto		En línea		Uno	
Gancho medio		Entre isquiones		Dos	
Gancho bajo		FORMA DE LA NALGA (N)		PEZ SUPE DEO (PSD)	
En semiluna		Cóncavas		Cero	
En copa		Recta		Uno	
Gancho alto invertido		Suavemente conxa		Dos	
En corona		Convexa		VIENTRE (V)	
En forma lira		FINURA COLA (FC)		Muy recogido	
TAMAÑO DE LAS OREJAS (TOR)		Fina		Algo recogido	
Pequeñas		mediana		Ventrudo	
Medianas		gruesa		PAPADA (P)	
Largas		BORLA (BL)		Ausente	
DIRECCIÓN DE LAS OREJAS (DOR)		Pequeña		Discontinua	
Horizontales		Mediana		Continua	
Caídas		Grande		PLIEGUE UMBAL (PU)	
Inclinadas		APLOMOS (APL)		Ausente	
ORBITAS (O)		Buenos		Presente	
Nada marcadas		Defectos en un par		MORRILLO O GIBA (M)	
Poco marcada		Defectos ambos		Ausencia	
Marcadas		INSERCIÓN LA UBRE (IU)		Presencia	
PERFIL CEFÁLICO (PERC)		Mala pendulosa		LONGID DE PELO (LP)	
Cóncavo		Normal y firme		Corto	
Recto		Avanzada en mes		Medio	
Subconvexo		SIMETRÍA FOR. UBRES (SFU)		Largo	
Convexo		Asimétrica		FINURA DEL PELO (FP)	
LONGITUD CUELLO (LCU)		Simétrica		Fino	
Corto		TAMAÑO DE UBRE (TU)		Medio	
Mediano		Pequeña		Grueso	
Largo		Mediana		NUMERO DE COL(NCS)	
LÍNEA DORSOLUMBAR (LD)		Grande		Un solo color	
Recta		TAM DE LOS PEZONES (TP)		Dos colores	
Poco ensillada		Pequeños		Mas dos colores	
Muy ensillada		Medianos			
INCLINACIÓN GRUPE (IG)		Largos			
Horizontal		UNIFOR EN LOS PEZS (UP)			
Algo inclinada		Desigual tamaño			
Muy inclinada		Igual tamaño			